

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO TECNOLÓGICO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

TIAGO TADEU WIRTTI

**SEGMENTAÇÃO DE MASSAS EM MAMOGRAFIAS
DIGITALIZADAS**

VITÓRIA
2012

TIAGO TADEU WIRTTI

**SEGMENTAÇÃO DE MASSAS EM MAMOGRAFIAS
DIGITALIZADAS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica do Centro Tecnológico da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Engenharia Elétrica.
Orientador: Prof. Dr. Evandro Ottoni Teatini Salles.

VITÓRIA
2012

Dados Internacionais de Catalogação-na-publicação (CIP)
(Biblioteca Central da Universidade Federal do Espírito Santo, ES, Brasil)

W799s Wirtti, Tiago Tadeu, 1972-
 Segmentação de massas em mamografias digitalizadas / Tiago
 Tadeu Wirtti. – 2012.
 88 f. : il.

 Orientador: Evandro Ottoni Teatini Salles.
 Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Universidade
 Federal do Espírito Santo, Centro Tecnológico.

 1. Mamas - Câncer. 2. Mamografia. 3. Wavelets (Matemática).
 4. Redes neurais (Computação). I. Salles, Evandro Ottoni Teatini.
 II. Universidade Federal do Espírito Santo. Centro Tecnológico. III.
 Título.

CDU: 621.3

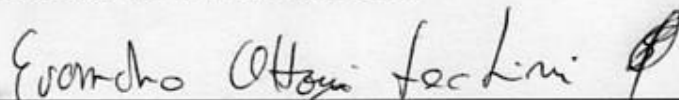
TIAGO TADEU WIRTTI

**SEGMENTAÇÃO DE MASSAS EM MAMOGRAFIAS
DIGITALIZADAS**

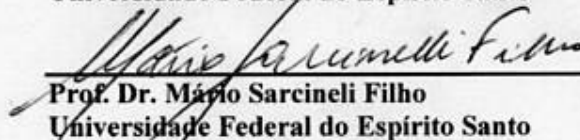
Dissertação submetida ao programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica do Centro Tecnológico da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para a obtenção do Grau de Mestre em Engenharia Elétrica.

Aprovada em 5 de dezembro de 2012.

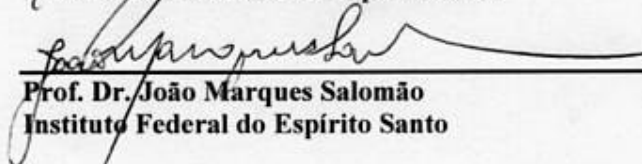
COMISSÃO EXAMINADORA



Prof. Dr. Evandro Ottoni Teatini Salles - Orientador
Universidade Federal do Espírito Santo



Prof. Dr. Márcio Sarcineli Filho
Universidade Federal do Espírito Santo



Prof. Dr. João Marques Salomão
Instituto Federal do Espírito Santo

“Nenhum homem realmente produtivo pensa como se estivesse escrevendo uma
dissertação.”

(Albert Einstein)

*Dedico este trabalho à amada esposa, Priscila,
e à nossa maior joia, Antônia.*

Agradecimentos

À minha mãe, Maria Teresinha, a principal responsável pelo meu sucesso. Muito obrigado!

Ao meu pai, Zanoar, o meu melhor professor. Muito obrigado!

Aos meus irmãos, Theo e Tatiana, por todo o apoio, amizade, carinho e torcida. Muito obrigado!

À minha amada esposa, Priscila, e à nossa bela filha, Antônia, muito obrigado por fazerem parte da minha vida!

Ao meu orientador, Dr. Evandro Ottoni Teatini Salles pela acolhida, compreensão, empatia, sabedoria e amizade. Muito obrigado!

Ao amigo Rober Marcone Rosi, muito obrigado pelo apoio, amizade e confiança!

Ao amigo Ângelo Antônio Loss, muito obrigado pela parceria, incentivo e incontáveis desafios vencidos!

Ao Dr. Luiz Alberto Sobral Vieira Junior (HUCAM-UFES) e ao Dr. José Guilherme de Souza (Clínica Radiológica Vitória) pelo apoio no levantamento e diagnóstico de imagens, meus sinceros agradecimentos.

À Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) pelo apoio e recursos disponibilizados, meu muito obrigado!

À Fundação de Assistência e Educação (FAESA) pelo apoio e recursos disponibilizados, meu muito obrigado!

Resumo

O presente trabalho sugere uma metodologia para segmentação de massas em mamografias digitalizadas. A massa se destaca dos demais tecidos da mama por apresentar densidade parcialmente homogênea e formato arredondado, espiculado ou indefinido. A estratégia de segmentação baseia-se na separação da mamografia digital em fatias por faixa de intensidade e avaliação da densidade de cada fatia usando transformada wavelet multiescala. Os dados de densidade obtidos através do processamento com wavelets são usados para treinar uma rede neural perceptron multicamadas com uma camada oculta com retropropagação de erro. Após a fase de treinamento, mamografias da base de teste, exceto aquelas utilizadas na fase de treinamento, podem ser submetidas à rede neural treinada. O processamento resultante, realizado sobre cada fatia da imagem investigada, evidencia achados de densidade relevante. Os achados em cada fatia são avaliados por um filtro de gradiente, gerando fatias contendo informação relevante sobre o gradiente acumulado de cada achado. Os gradientes acumulados que aparecem na mesma posição em fatias subsequentes são analisados de forma heurística resultando na seleção das massas. Foram utilizadas 31 imagens da base de mamografias mini-MIAS, sendo duas imagens para treinamento e as demais para teste do classificador. Obteve-se *TPR* (sensibilidade) de 75,00 %, *FPR* de 23,91 %, especificidade de 76,09 %.

Abstract

This work suggests a methodology for segmentation of masses in digital mammograms. The masses are distinguished from the other breast tissue by its homogeneous and differentiated density, and its peculiar shape: rounded, spiculated or undefined. The segmentation strategy is based on slicing the mammography by ranges of pixel intensity and on the assessment of each slice density using multiscale wavelet transform. The density data obtained from a wavelet transform are used to train a multilayer perceptron network. After the training phase, any mammography, except those used in the training phase, may be submitted to the trained neural network. Each image slice resulting from processing handled by the neural network has evidenced the relevant characteristics of the original image. The findings in each slice are evaluated by a gradient filter, generating slices containing relevant information on a gradient accumulated structure for each finding. The accumulated gradients that appear in the same position in subsequent slices are heuristically analyzed resulting in the selection of the masses. After processing 31 images from mini-MIAS database of mammograms (two images for training and the other for testing the classifier) it was obtained the following results: *TPR* (sensitivity) of 75.00%, 23.91% of *FPR*, and specificity of 76.09%.

Sumário

Capítulo 1: Introdução.....	20
1.1 Estrutura da Mama	20
1.2 Câncer de Mama	22
1.3 Exames para Diagnóstico do Câncer de Mama	23
1.3.1 Mamografia: a Radiografia da Mama.....	24
1.3.2 Características do Tecido Mamário na Radiografia.....	26
1.4 Detecção e Diagnóstico Automatizado do Câncer de Mama	27
1.5 Recursos e Métodos.....	28
1.6 Objetivos do Trabalho	29
1.7 Estado da Arte – Principais Avanços na Detecção de Massas em Mamografias Digitalizadas	31
1.8 Estrutura da Dissertação	33
Capítulo 2: Extração de Características por Wavelet.....	34
2.1 Projeto e Implementação do Extrator de Características.....	34
2.1.1 Especificação do Extrator de Características.....	34
2.1.2 Implementação do Extrator de Características.....	36
2.2 Resultados Experimentais Comentados	37
Capítulo 3: Automação do Processo de Extração de Características com RNA.....	41
3.1 Projeto do Extrator de Características com RNA	41
3.1.1 Treinamento da RNA para Segmentação da Mamografia	42
3.1.2 Segmentação de Mamografias pela RNA Treinada	42
3.2 Projeto do Extrator de Características com RNA por Faixa de Intensidade	44
3.2.1 Treinamento da RNA e Classificação pela RNA por Faixas de Intensidade.....	45
3.2.2 Relação entre Entrada e Saída da RNA	49
3.2.3 Definição dos Conjuntos de Treinamento da RNA.....	53
Capítulo 4: Função de Gradiente Acumulado	55
4.1 Projeto da Função de Gradiente Acumulado	55
4.1.1 Redução da Resolução das Lâminas para Aplicação da FGA	56
4.1.2 Cálculo do Gradiente dos Elementos da Lâmina	57
4.1.3 Obtenção dos Segmentos de Reta sobre os Vetores Gradiente.....	58
4.1.4 Cálculo da FGA.....	58
4.2 Processamento de Regiões com a Função de Gradiente Acumulado.....	59
4.2.1 Análise das FGA's em Busca de Massas em Potencial por Teste de Hipótese	60

4.2.2 Análise das FGA's em Busca de Massas em Potencial por Critério Heurístico	61
Capítulo 5: Classificação Heurística.....	64
5.1 Projeto do Classificador Heurístico.....	64
5.1.1 Eliminação do Tecido Muscular da Mama	64
5.1.2 Algoritmo de Classificação Heurística das FGA's.....	68
5.2 Processamento de Regiões pelo Classificador Heurístico	69
5.2.1 Contabilidade da Classificação	69
5.2.2 Análise da Imagem mdb021	71
5.2.3 Análise da Imagem mdb206	73
5.2.4 Análise da Imagem mdb023	73
5.3 Testes e Resultados	74
5.3.1 Testando o Tamanho das Janelas do Extrator de Características.....	74
5.3.2 Testando o Critério de Escolha do Conjunto de Treinamento	76
5.3.3 Testando o Método sem a Exclusão do Tecido Muscular Peitoral	78
5.3.4 Discussão de Resultados	80
Capítulo 6: Conclusão e Trabalhos Futuros	82
Referências Bibliográficas.....	85
Apêndice A: Trabalhos Publicados.....	88

Lista de Figuras

Figura 1.1 Aspectos externos da mama feminina (Maierhofer, 2008).	21
Figura 1.2 Estrutura interna da mama, visão frontal. Adaptada de Maierhofer (2008).	22
Figura 1.3 Esquema do mamógrafo e seus principais componentes (Maierhofer, 2008).	24
Figura 1.4 Posicionamento da mama: mamografia (a) CC e (b) MLO (Maierhofer, 2008). ...	25
Figura 1.5 Mamografias (a) CC-D (Crânio-caudal direita) e CC-E (Crânio-caudal esquerda); (b) MLO-D (Médio-lateral direita) e MLO-E (Médio-lateral esquerda) (Maierhofer, 2008)	25
Figura 1.6 Massa (a) arredondada, (b) indistinta e (c) espiculada (Riedl, et al., s.d.).	27
Figura 1.7 Fluxo de processamento proposto.	30
Figura 2.1 (a) função de escala ϕ , (b) função wavelet ψ	34
Figura 2.2 Pontos escolhidos pelo especialista e suas subimagens 1 e 2 de 32×32 pixels. .	35
Figura 2.3 Banco de filtros implementado por transformada wavelet.	36
Figura 2.4 Processamento por Wavelet de uma subimagem 32×32 pixels (Wirtti e Salles, 2011).	37
Figura 2.5 Algoritmo do extrator de características de intensidade.	38
Figura 2.6 Imagem marcada para extração de características. Os pontos marcados por pequenos losangos (em azul) representam regiões de alta intensidade; os quadrados amarelos, regiões de baixa intensidade.	39
Figura 2.7 Cada ponto representa, em coordenadas cartesianas, os valores P_1, P_2 e P_3 de cada coluna de $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$	40
Figura 3.1 Arquitetura da RNA	42
Figura 3.2 Segmentação de mamográfica digitalizada por RNA com wavelet.	43
Figura 3.3 (a) Mamografia original; (b) Mamografia processada pela RNA; (c) Aplicação de limiarização e detecção de contorno (Wirtti e Salles, 2011).	44
Figura 3.4 Extração de características e treinamento pela RNA por fatias de intensidade.	46
Figura 3.5 Extração de características com RNA por faixas de intensidade.	47
Figura 3.6 (a), (c), (e) Lâminas 19, 20 e 21 da imagem mdb184, base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994), obtidas pela eq. (3.1); (b), (d), (f) Lâminas após o processamento pela RNA.	48
Figura 3.7 Lâminas de entrada (a) 8, (f) 15 e (k) 23. Saída RNA para a lâmina 8 (b) 8×8 , (c) 16×16 , (d) 32×32 e (e) 64×64 . Saída RNA para a lâmina 15 (g) 8×8 , (h) 16×16 , (i) 32×32 e (j) 64×64 . Saída RNA para a lâmina 23 (l) 8×8 , (m) 16×16 , (n) 32×32 e (o) 64×64	50
Figura 3.8 Relação entre entrada e saída do extrator de características para quadrículas de tamanho (a) 8×8 , (b) 16×16 , (c) 32×32 e (d) 64×64	51
Figura 3.9 Distribuição das imagens segundo critério do passo 3.	54

Figura 3.10 Distribuição das imagens após aplicação do PCA, no passo 4 (Wirtti e Salles, 2012).	54
Figura 4.1 (a) Lâmina L_{23} com quadrículas $d \times d$ (8×8), obtida da imagem mdb015, base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994). (b) Lâmina reduzida, L_R .	56
Figura 4.2 Representação gráfica dos vetores gradiente, calculados sobre L_R , exibidos sobre uma porção da lâmina L .	57
Figura 4.3 O conjunto D (quadrículas em cinza) e um segmento r_k , com início em (a, b) , orientação $\bar{g}(f(a, b))$ e tamanho t .	58
Figura 4.4 FGA's calculadas para a lâmina 23 da imagem mdb015 da base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994).	59
Figura 4.5 Curva ROC para avaliar o parâmetro mx (máximos locais acima da média).	63
Figura 5.1 O gráfico de $G_{x,y}(x, y)$ para uma estrutura F_r obtida no Matlab®.	66
Figura 5.2 (a) Antes de eliminar o tecido muscular. (b) Depois de eliminar o tecido muscular.	67
Figura 5.3 Gráfico das FGA's da lâmina 23 da imagem mdb015 após a eliminação do tecido muscular.	67
Figura 5.4 (a) Marcações das FGA's (b) Localização de uma coincidência H_1 .	72
Figura 5.5 (a) Marcações das FGA's (b) Localização de uma coincidência H_3 .	73
Figura 5.6 (a) Marcações das FGA's (b) Presença de um FP.	74
Figura 5.7 Ilustração dos dados $TPR \times FPR$ para janelas de extração de características 8×8 , 16×16 e 32×32 .	76
Figura 5.8 Funcionamento do classificador por conjunto de treinamento.	77
Figura 5.9 Funcionamento do classificador com e sem o algoritmo de exclusão do tecido muscular.	79
Figura 5.10 Marcação dos eixos dos autovetores de autovalores de $\rho_{x,y}$.	80

Lista de Tabelas

Tabela 2.1. Resultado da avaliação de <i>Pd</i> para as subimagens 1 e 2 da Figura 2.2.	38
Tabela 4.1 Relação (em %) entre quantidade de máximos, <i>TPR</i> e <i>FPR</i>	62
Tabela 4.2 Matriz de confusão. Notação: p é a classe positiva real; n é a classe negativa real; Y corresponde aos elementos classificados como positivos e N corresponde aos elementos classificados como negativos.	63
Tabela 5.1 Classificação dos achados no conjunto de imagens.	70
Tabela 5.2 Matriz de confusão.....	71
Tabela 5.3 <i>TPR</i> \times <i>FPR</i> (em %) para janelas de extração de características 8×8 , 16×16 e 32×32 pixels.....	75
Tabela 5.4 <i>TPR</i> \times <i>FPR</i> (em %) para os conjuntos de treinamento mdb021e mdb148/270....	77
Tabela 5.5 Comparação entre os processamentos (em %) com e sem o algoritmo de exclusão de tecido muscular.	79
Tabela 5.6 Comparação de resultados.....	81

Nomenclatura

Símbolos métricos

Símbolo	Descrição	Unidade do SI
-	-	-

Outras Unidades

Símbolo	Descrição	Nome
<i>dpi</i>	Pontos por polegada	<i>Dot per inch</i>
<i>x</i>	Eixo horizontal de um sistema de coordenadas de imagem	(pixels)
<i>y</i>	Eixo vertical de um sistema de coordenadas de imagem	(pixels)
<i>d</i>	Dimensão horizontal/vertical de uma quadrícula	(pixels)

* (pixels) indicando que esta unidade não pertence ao Sistema Internacional de Medidas

Letras Gregas

Símbolo	Descrição	Unidade
∂	Derivação parcial	-
∇	Gradiente	-
ϕ	Função de escala (wavelet)	-
λ	Autovalores de ρ	-
ν	Autovetores de ρ	-
σ	Desvio padrão	-
ρ	Coeficiente de correlação entre as variáveis aleatórias X e Y	-
ψ	Função Wavelet	-

Outros símbolos

Símbolo	Descrição	Exemplo
a	Ordenada de um elemento qualquer do conjunto <i>D</i>	-
b	Abcissa de um elemtno qualquer do conjunto <i>D</i>	-
A	Coeficientes de aproximação (baixa frequencia)	-
cov	Covariância	-

Outros símbolos (continuação)

Símbolo	Descrição	Exemplo
C	Conjunto de vetores de características	-
d	Dimensão horizontal ou vertical de uma quadricula	-
D	Conjunto de pares ordenados (x, y)	-
D_d	Coeficientes de alta frequência diagonais	-
D_h	Coeficientes de alta frequência verticais (bordas horizontais)	-
D_v	Coeficientes de alta frequência horizontais (bordas verticais)	-
E	Estrutura contendo as lâminas (fatias) L_{i+1} , $i = 0, 1, \dots, N - 1$	-
\bar{g}	Gradiente bidimensional no espaço discreto	-
\bar{G}	Gradiente bidimensional no espaço contínuo	-
$G_{X,Y}$	Distribuição gaussiana das variáveis aleatórias X e Y	-
H_n	Coincidência entre n lâminas subsequentes	-
I_{i+1}	Faixa de intensidade i , $i = 0, 1, \dots, N - 1$	I_1
l	Função intensidade do conjunto D	-
L_{i+1}	Lâmina i , $i = 0, 1, \dots, N - 1$	L_1
L_R	Lâmina reduzida	-
m	Número de linhas da imagem	-
mc	Média dos elementos da FGA	-
mx	Número de máximos locais acima da média (picos)	-
M_o	Matriz original da subimagem 32×32	-
M	Matriz $m \times n$ (que representa uma imagem genérica)	-
n	Número de colunas da imagem	-
n_d	Escala da transformada wavelet	n_1
N	Número de lâminas processadas	25
P_d	Vetor de características de densidade na escala d	P_1
Q^2	Variável aleatória chi-quadrado	-
r	Segmento de reta com início em (a, b) , orientação $\bar{g}(f(a, b))$ e tamanho t ;	-

Outros símbolos (continuação)

Símbolo	Descrição	Exemplo
R^2	Espaço dos números reais em duas dimensões	-
R^4	Espaço dos números reais em quatro dimensões	$P_d \in R^4$
S	Conjunto de pares ordenados de r	-
t_α	Limiar para o Teste Chi-quadrado	-
T_r	<i>Target</i>	-
V_k	Valor esperado em k	-
x_d	Matriz de coeficientes da transformada wavelet na escala d	x_1

Símbolos subscritos

Símbolo	Descrição	Exemplo
d	Escala ($d = 1,2,3,4$)	P_d
i	Índice das lâminas L_i , $i = 0,1,\dots,N-1$	L_1

Siglas

Símbolo	Descrição
<i>CAD</i>	<i>Computer Aided Diagnosis</i>
<i>BI-RADS®</i>	<i>Breast Imaging Reporting and Data System</i>
CC	Crânio-caudal
CC-D	Crânio-caudal Direita
CC-E	Crânio-caudal Esquerda
<i>dbN</i>	<i>Daubechies wavelets</i>
<i>DDSM</i>	<i>Digital Database for Screening Mammography</i>
FGA	Função de Gradiente Acumulado
<i>FPR</i>	<i>False Positive Rate</i>

Siglas (continuação)

Símbolo	Descrição
FN	Falso Negativo
FP	Falso Positivo
<i>MLA</i>	<i>Midpoint Line Algorithm</i>
MLO	Médio-lateral Oblíqua
CC-E	Crânio-caudal Esquerda
<i>dbN</i>	<i>Daubechies wavelets</i>
<i>DDSM</i>	<i>Digital Database for Screening Mammography</i>
FGA	Função de Gradiente Acumulado
<i>FPR</i>	<i>False Positive Rate</i>
MLO-D	Médio-lateral Oblíqua Direita
MLO-E	Médio-lateral Oblíqua Esquerda
MLP	<i>Multlayer Perceptron</i>
OGD	Operador Gradiente Direcional
pa	Passa alta (filtro)
pb	Passa baixa (filtro)
<i>PCA</i>	<i>Principal Component Analysis</i>
<i>PSO</i>	<i>Particle Swarm Optimization</i>
RNA	Rede Neural Artificial
<i>ROI</i>	<i>Region of Interest</i>
SVM	<i>Support Vector Machine</i>
<i>TPR</i>	<i>True Positive Rate</i>

Siglas (continuação)

Símbolo		Descrição
VN		Verdadeiro Negativo
VP		Verdadeiro Positivo

Capítulo 1: Introdução

O câncer de mama é o segundo tipo mais comum no mundo, sendo mais frequente entre mulheres e respondendo por 22% dos casos novos de câncer a cada ano. Estima-se que em 2012 surjam cerca de 50 mil novos casos no Brasil (Instituto Nacional do Câncer, 2012). A realização anual do exame de mamografia em mulheres acima de 40 anos pode reduzir as mortes por câncer de mama entre 30% e 50%. Além disso, estima-se que a detecção antecipada de possíveis lesões cancerosas possa reduzir de 30% a 100% o custo do tratamento (Feig, 2010).

Embora a mamografia seja um dos melhores métodos para a detecção precoce do câncer de mama, infelizmente os sinais de câncer são geralmente muito sutis e variam ao longo da evolução do câncer. Por isso, a utilização de sistemas *CAD* (*Computer Aided Diagnosis*) pode ajudar o especialista na antecipação diagnósticos de câncer da mama (Gómez, et al., 2011). Muitos progressos vêm sendo realizados no sentido de padronizar a detecção e o diagnóstico do câncer de mama, e as ferramentas *CAD* têm importante papel no auxílio ao diagnóstico do especialista.

Antes de entrar no mérito deste trabalho, que envolve a discussão sobre técnicas de segmentação de massas em mamografias digitalizadas, descrevem-se nas subseções a seguir (de 1.1 a 1.4), de forma breve, alguns conceitos da Medicina que servem com embasamento para a compreensão deste trabalho.

1.1 Estrutura da Mama

A mama é uma glândula modificada da pele, tendo forma peculiar e distinta, saliente e cônica, mais marcante nas mulheres jovens. Com o envelhecimento do corpo, as mamas se tornam mais achatadas, alongadas e menos firmes. Na fase senil perdem densidade. Há uma grande variação no tamanho da mama, dependendo da influência hormonal, idade, estrutura corporal e obesidade (Maierhofer, 2008).

As mamas desenvolvem-se na parede torácica anterior e lateral, com limite superior à altura da segunda ou terceira costela (abaixo da clavícula) e inferior à altura da sexta ou sétima costela. O tecido da mama estende-se horizontalmente do esterno à axila (Maierhofer, 2008). A Figura 1.1 mostra os principais aspectos externos da mama feminina. O mamilo é

uma pequena projeção central que contém uma coleção de orifícios dos ductos mamários provenientes das glândulas secretoras do interior da mama. A aréola é uma área que circunda o mamilo e possui pigmentação diferenciada do mesmo. A prega intramamária é o limite inferior da mama com a parede anterior do tórax. O prolongamento axilar, ou cauda da mama, é uma faixa de tecido que envolve o músculo peitoral lateralmente e se estende até a axila.

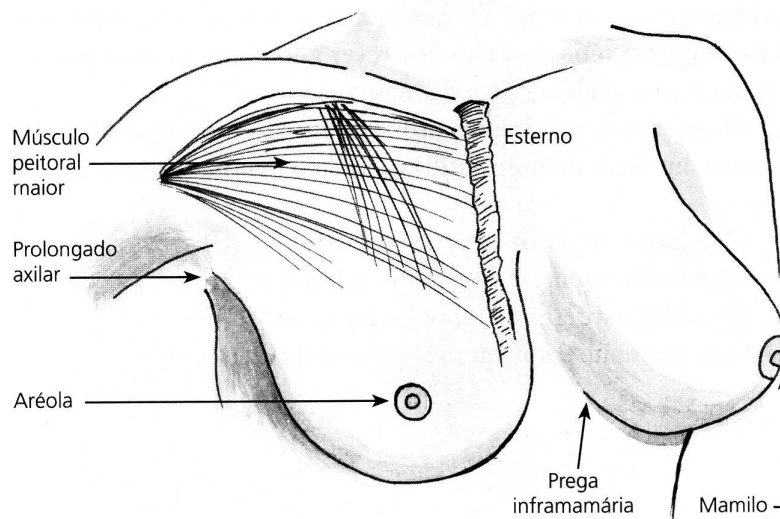


Figura 1.1 Aspectos externos da mama feminina (Maierhofer, 2008).

As principais estruturas da mama, ilustradas na Figura 1.2, são as glândulas mamárias, que têm como função mais importante a secreção do leite. As glândulas mamárias são compostas de:

- Ácino – menor parte da glândula, responsável pela produção de leite durante a lactação;
- Lóbulo mamário – conjunto de ácinos;
- Lobo mamário – conjunto de lóbulos mamários que se ligam ao mamilo através dos ductos;
- Tecido glandular – conjunto de lobos e ductos;
- Mamilo ou Papila – saliência elástica onde desembocam os ductos mamários;
- Aréola – estrutura central da mama de onde se projeta o mamilo;
- Tecido adiposo – todo o restante da mama é preenchido por tecido adiposo (gorduroso).

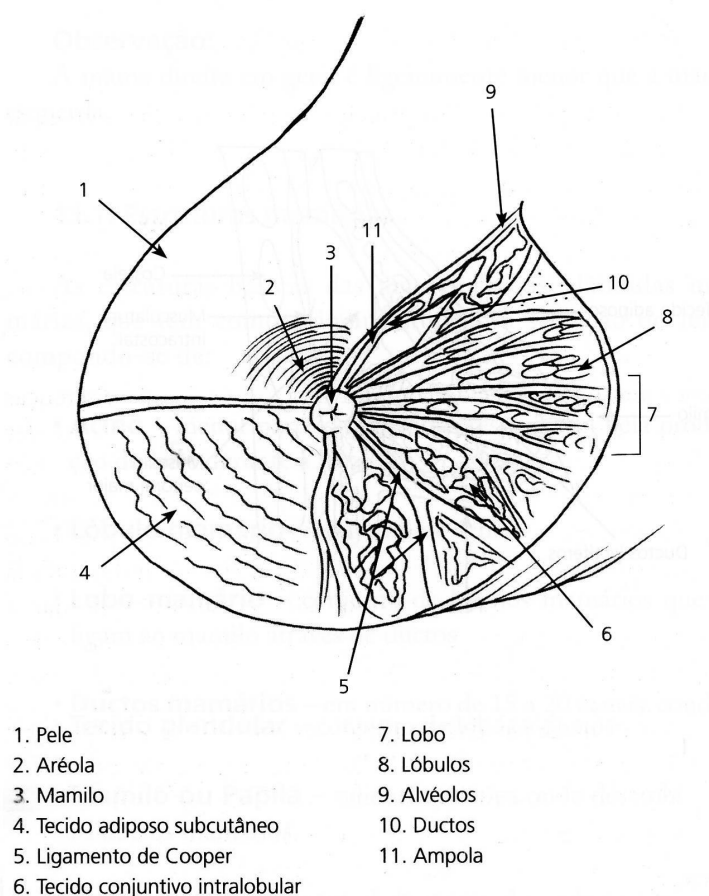


Figura 1.2 Estrutura interna da mama, visão frontal. Adaptada de Maierhofer (2008).

1.2 Câncer de Mama

O câncer é o crescimento desordenado de células que invadem tecidos e órgãos, dividindo-se de forma rápida, agressiva e descontrolada, determinando a formação de tumores malignos que podem se espalhar para outras regiões do corpo. O câncer de mama é o tipo de câncer que acomete a mama humana, masculina e feminina (Instituto Nacional do Câncer, 2012).

Segundo Maierhofer (2008), o tumor (ou nódulo) é um tipo de alteração funcional da mama. O tumor maligno representa algum tipo de câncer. O tumor benigno, como regra geral, não representa risco para o paciente. Entre os tumores benignos destacam-se:

- Adenose: proliferação de elementos dos lóbulos que produz aumento de estruturas dos ácinos glandulares;

- Fibroadenoma: tumor benigno da mama formado pelo crescimento de tecido fibroso e glandular no estroma (tecido conectivo e não funcional que provê sustentação de uma célula, órgão ou tecido);
- Papiloma: pequeno tumor benigno que se forma dentro dos ductos e se manifesta benignamente através da saída de sangue pelo mamilo;
- Lipoma: tumor benigno constituído por tecido adiposo;
- Ginecomastia: desenvolvimento excessivo da mama masculina.

Entre os tumores malignos (câncer), os mais importantes são:

- Carcinoma: lesão do tecido epitelial ou glandular cujo crescimento anormal e desordenado invade tecidos vizinhos destruindo-os. O carcinoma, de forma simplista, pode ser subcategorizado em carcinoma *in situ* e carcinoma invasor.
 - O carcinoma *in situ* é aquele que se desenvolve sem invadir a membrana basal (membrana que acomoda todo tipo de epitélio), tendo bom prognóstico.
 - O carcinoma invasor é um tumor que invade a membrana basal e se dissemina para outros tecidos do corpo;
- Metástase: células cancerígenas que se originam da lesão maligna primária e se disseminam pela corrente sanguínea ou linfática para outros tecidos em outras partes do corpo;
- Sarcoma: lesões do tecido conjuntivo que são extremamente incomuns, mas são também as lesões mais letais.

O carcinoma ductual invasor representa de 65 a 85% dos casos de câncer de mama, manifestando-se na forma de nódulo sólido ou área condensada no parênquima, com lesões espiculadas ou circunscritas (Abreu & Koifman, 2002).

1.3 Exames para Diagnóstico do Câncer de Mama

De acordo com Maierhofer (2008), as principais modalidades de exame para diagnóstico da mama são: mamografia, estereotaxia, ductografia (ou galactografia), ultrassonografia, ressonância nuclear magnética, cintilografia e biópsia. No presente trabalho as imagens processadas são oriundas de mamografias; portanto, as demais modalidades de exame para diagnóstico da mama não serão abordadas neste texto.

1.3.1 Mamografia: a Radiografia da Mama

A mamografia é uma radiografia da mama realizada em aparelho projetado especificamente para este fim, o mamógrafo. O mamógrafo permite visualizar em uma radiografia o tecido mamário e outras estruturas presentes: nódulos, cistos, microcalcificações, densidades anormais ou más-formações. A mamografia, quando analisada por um especialista (radiologista ou mastologista) experiente, pode ajudar a identificar lesões benignas, malignas e pré-malignas antes mesmo que o paciente ou o especialista médico possam detectá-las em um exame físico (apalpação da mama) (Maierhofer, 2008).

Segundo Rangayyan (2005), as primeiras mamografias foram reportadas em 1930 por Waren, mas apenas em meados da década de 1960 é que, devido a avanços significativos na tecnologia de geração de raio-X, surgiram as primeiras máquinas de raio-X dedicadas exclusivamente à radiografia da mama. A Figura 1.3 mostra um sistema típico de mamografia.

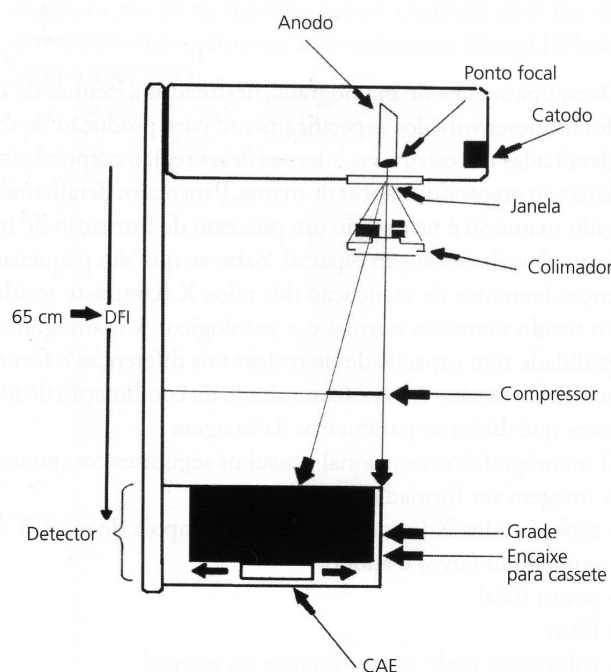


Figura 1.3 Esquema do mamógrafo e seus principais componentes (Maierhofer, 2008).

A geração de mamografia requer uma fonte de raio-X de alta qualidade (um feixe de banda estreita ou aproximadamente monocromático). O feixe é filtrado por uma placa de molibdênio e direcionado (colimado) para o alvo. A mama é comprimida por uma placa de compressão (compressor). Os raios-X transpassam a placa de compressão e os tecidos da mama (no detector), atingindo uma grade de focalização que direciona os raios para um filme sensível à radiação emitida (localizado no “encaixe para cassete”), conforme a Figura 1.3.

Quanto maior a densidade do tecido da mama, menor é a quantidade de raios-X por unidade de área que chega ao filme e, conseqüentemente, esta região do filme torna-se mais clara, indicando uma maior presença de tecido mamário (Rangayyan, 2005).

As projeções básicas para a geração de mamografias atualmente são crânio-caudal (CC) e médio-lateral oblíqua (MLO) (Maierhofer, 2008). A Figura 1.4(a) mostra o posicionamento da mama para a obtenção de uma projeção CC-E (Crânio-caudal Esquerda). A Figura 1.4(b) mostra o posicionamento para a obtenção de uma projeção MLO-E (Médio-lateral Oblíqua Esquerda).

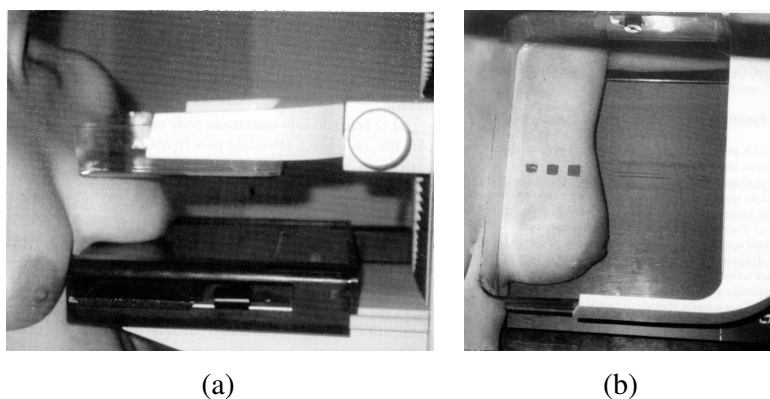


Figura 1.4 Posicionamento da mama: mamografia (a) CC e (b) MLO (Maierhofer, 2008).

A Figura 1.5(a) mostra o resultado do exame ilustrado pela Figura 1.4(a) para as duas mamas. A Figura 1.5(b) mostra o resultado do exame ilustrado pela Figura 1.4(b) para as duas mamas.

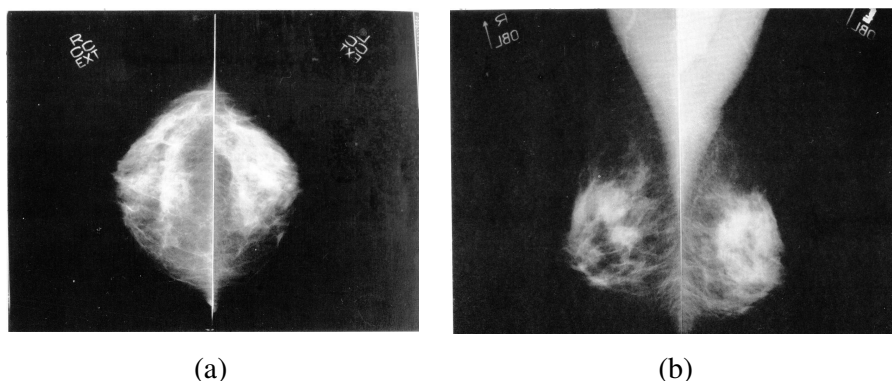


Figura 1.5 Mamografias (a) CC-D (Crânio-caudal direita) e CC-E (Crânio-caudal esquerda); (b) MLO-D (Médio-lateral direita) e MLO-E (Médio-lateral esquerda) (Maierhofer, 2008) .

Na radiografia MLO, Figura 1.5(b), é possível observar o tecido muscular peitoral, que se caracteriza pela forma alongada e triangular localizado na parte superior da radiografia.

Quanto mais clara a região da mamografia, maior é a densidade do tecido naquela região da mama, e maior é a intensidade dos pixels da imagem que a representa.

1.3.2 Características do Tecido Mamário na Radiografia

Segundo Rangayyan (2005), uma das características mais marcantes da mamografia é a falta de contraste entre os seus elementos. Isso ocorre porque a mama é composta por tecidos de densidade semelhante (tecidos “moles”), apresentados na Figura 1.2. Tais tecidos podem ser categorizados em três tipos principais: glandular, fibroso ou conjuntivo e adiposo (Maierhofer, 2008). A maior diferença é apresentada pelo tecido adiposo, por ser menos denso que o tecido conjuntivo ou glandular.

Segundo Maierhofer (2008), o tecido mamário se apresenta na mamografia em três categorias:

- Mama fribroglandular (densa): mama da mulher jovem, comumente encontrada em mulheres desde a puberdade até os 30 anos, contém pouco tecido adiposo, apresentando na radiografia uma imagem densa e com pouquíssima gordura;
- Mama parcialmente liposubstituída: normalmente encontrada em mulheres dos 30 aos 50 anos, esta mamografia apresenta aproximadamente 50% de tecido adiposo e 50% de tecido fribroglandular, resultando em uma radiografia com maior variação de níveis de cinza;
- Mama gordurosa ou adiposa: ocorre após a menopausa e é comumente encontrada em mulheres com mais de 50 anos, apresentando predominância de tecido adiposo, resultando em radiografia com prevalência de regiões de baixa densidade.

De acordo com o padrão *BI-RADS® (Breast Imaging Reporting and Data System)* (Riedl, et al., s.d.), o câncer da mama pode estar associado à presença de um ou mais dos seguintes achados na mamografia: massa, distorção arquitetural, assimetria de densidade e calcificação. Os tumores, benignos e malignos, manifestam-se na mamografia como massas. As massas, que são de interesse específico do presente trabalho, podem se apresentar na forma arredondada, indefinida ou espiculada (estrelada), conforme ilustrado na Figura 1.6.

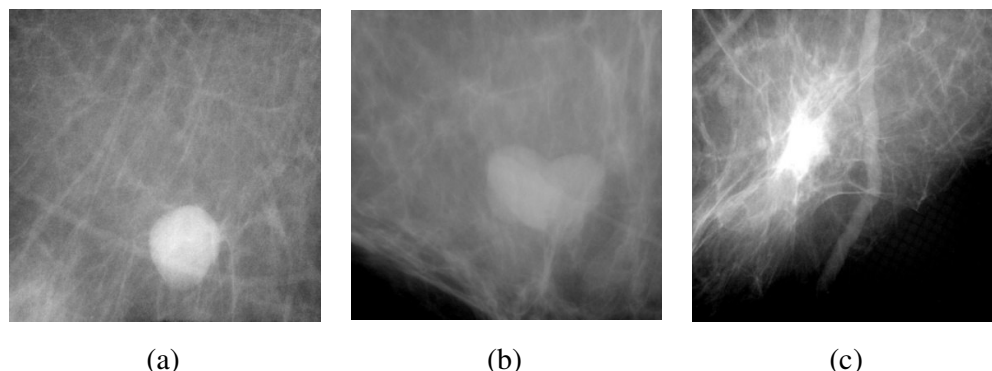


Figura 1.6 Massa (a) arredondada, (b) indistinta e (c) espiculada (Riedl, et al., s.d.).

As massas arredondadas (Figura 1.6(a)), possuem margens fortemente demarcadas, com transição abrupta entre a lesão e o tecido no entorno. Não há infiltrações. O risco de câncer para esse tipo de lesão é muito baixo ou inexistente. Massas indistintas (Figura 1.6(b)) se caracterizam por uma pobre separação entre o seu conteúdo e o tecido externo. Deve-se considerar a possibilidade de a baixa definição da borda resultar da presença de infiltrações, ao invés da superposição de tecidos saudáveis. As massas espiculadas (Figura 1.6(c)) se caracterizam por apresentar linhas (infiltrações) se irradiando de sua borda. Nesse caso, o risco de câncer é elevado (Riedl, et al., s.d.).

1.4 Detecção e Diagnóstico Automatizado do Câncer de Mama

De acordo com Rangayyan (2005), apesar de os radiologistas, mastologistas, patologistas e outros profissionais de saúde serem altamente treinados, há inúmeros argumentos em favor da utilização de aplicações computacionais para processar e analisar imagens biomédicas. A seguir apresentam-se alguns deles:

- os seres humanos são hábeis e rápidos na análise de padrões visuais, mas são lentos em operações aritméticas com grandes quantidades de números. Por exemplo, tarefa de eliminação de ruído de uma imagem não é adequada ao ser humano, mas pode ser realizada facilmente por um programa de computador;
- os seres humanos estão sujeitos à fadiga, a ficar entediados, a fatores ambientais e a cometer erros, principalmente em tarefas repetitivas. Os computadores podem realizar tarefas repetidamente sem perda de desempenho;
- a análise realizada por humanos é geralmente subjetiva e qualitativa. Quando é necessária uma análise comparativa entre uma imagem e um padrão de referência, o ser humano fornece uma resposta qualitativa. Os computadores podem fornecer

respostas quantitativas nestas questões, que podem ser de grande utilidade, por exemplo, para comparar diferentes métodos de diagnóstico;

- a análise humana varia de observador para observador, e também pode variar para o mesmo observador ao longo do tempo.

É importante notar que a análise quantitativa se torna possível e viável com a utilização de aplicações computacionais voltadas para a análise de imagens biomédicas.

Segundo Thurfjell, et al., (1998), a sensibilidade no diagnóstico de mamografias avaliadas por especialistas varia entre 70% e 96%. Essa variação depende especialmente da capacidade de detecção do especialista (radiologista ou mastologista), que depende principalmente de sua experiência. Muitos estudos provam que entre 30% e 70% dos cânceres rastreados em mamografias já poderiam ter sido detectados em mamografias que, em análise prévia, foram diagnosticadas como normais (sem câncer) (Burhenne, et al., 2000).

De acordo com o exposto até o momento, a utilização de sistemas *CAD* (*Computer Aided Diagnosis*) pode melhorar significativamente a detecção de câncer de mama, embora sejam necessárias melhorias nesses sistemas, de forma a reduzir a taxa de falsos positivos e aumentar a especificidade (Gómez, et al., 2011).

1.5 Recursos e Métodos

O presente trabalho utiliza a base pública mini-Mias (Suckling, et al., 1994). Esta base possui 326 imagens de mamografias digitalizadas e diagnosticadas, com as principais lesões marcadas. Tais imagens foram obtidas de diversos equipamentos de mamografia e digitalizadas com resolução de 50 microns, mas estão disponíveis na Internet com resolução de 200 microns no formato PGM (*Portable Graymap*). Embora o formato PGM suporte 16 bits de profundidade (que resulta em 2^{16} níveis de cinza), os arquivos disponíveis na base na Internet estão codificados com 8 bits de profundidade. Para este trabalho as imagens são normalizadas para a escala de zero (nível de cinza mínimo, preto) a um (nível de cinza máximo, branco).

Do montante de imagens da base, 46 apresentam massas, que se subdividem em espiculadas, arredondadas e disformes (com bordas indefinidas). A este conjunto foram adicionadas 14 imagens normais (sem qualquer tipo de lesão), totalizando 60 imagens. Dois especialistas em medicina, um radiologista e um mastologista, ajudaram a apontar 31 imagens dentre as 60 para a realização deste estudo, mantendo o balanceamento entre os diferentes tipos de imagem e selecionando aquelas com características mais representativas para o

presente estudo. O apontamento das imagens pelos especialistas cumpre duas tarefas principais: (1) montar um conjunto compacto, mas que represente as várias possibilidades de lesões relacionadas com massas e (2) montar um conjunto cujo processamento computacional seja viável, ou seja, compatível com os recursos computacionais utilizados.

Os recursos computacionais utilizados neste trabalho são: um computador pessoal com processador Intel® Core™ 2 Duo T5850 com *clock* (frequência básica de operação) de 2,17 GHz, 4 GB de memória principal, memória de massa de 250 GB, sistema operacional Windows Vista™ de 32 bits. O software utilizado para o processamento de imagens é o Matlab® R14 com os pacotes adicionais *Image Processing Toolbox*, *Neural Network Toolbox* e *Wavelet Toolbox*.

Vale ressaltar que toda a coleta de pontos realizada na fase de treinamento, assim como a validação dos resultados, conta com o apoio de especialistas médicos.

1.6 Objetivos do Trabalho

O presente trabalho tem como objetivo principal a proposição de uma metodologia para a detecção automatizada de massas em mamografias digitalizadas. A detecção de massas é importante, pois, como descrito na seção 1.3.2, os tumores (ou nódulos), benignos e malignos, manifestam-se na mamografia como massas. Reforçando este ponto, a seção 1.2 estabelece que o carcinoma ductual invasor, que se apresenta na forma de nódulo, representa de 65 a 85% dos casos de câncer de mama. Outro argumento em favor da detecção de massas é que esta pode servir como parâmetro para a construção de sistemas *BIRADS*®, ao passo que o simples diagnóstico de benignidade ou malignidade não explica a razão do diagnóstico.

A metodologia proposta neste trabalho pode ser resumida pela Figura 1.7, sendo baseada na seguinte estrutura:

- extração de características com o uso de transformada wavelet e treinamento de uma rede neural artificial (RNA) para realçar massas;
- seleção de possíveis massas usando o conceito de filtragem por gradiente;
- classificação heurística das massas.

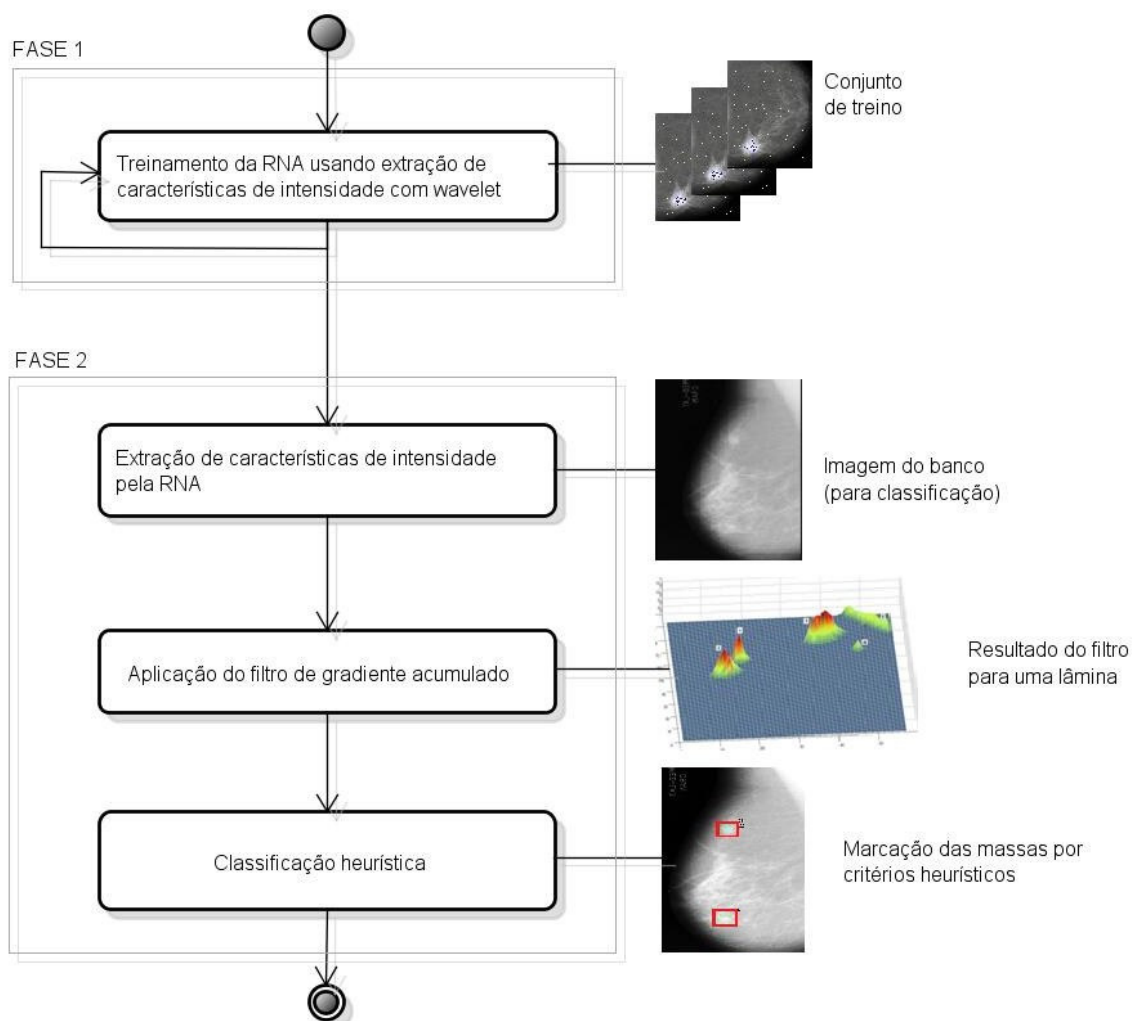


Figura 1.7 Fluxo de processamento proposto

A Figura 1.7 mostra a visão macro do processo, enfatizando a divisão em duas fases: a primeira consiste no treinamento da RNA usando extração de características por transformada wavelet; a segunda fase corresponde à classificação propriamente dita. O treinamento (fase 1) ocorre uma vez. Com a RNA treinada, ocorre o processo de classificação (fase 2), cuja ressalva importante é que as imagens que alimentam o processo de classificação não podem ser as mesmas utilizadas no treinamento. O treinamento e a classificação são processos separados, ou seja, havendo uma RNA treinada, o classificador pode ser executado de forma independente.

Na fase 1 (treinamento), a imagem é subdividida em lâminas, cada uma contendo uma faixa de intensidade da imagem original. Cada lâmina é marcada por um especialista (pontos de baixa intensidade e de alta intensidade) com o objetivo de treinar uma rede neural como a sugerida em Wirtti e Salles, (2011). A escolha da transformada wavelet está relacionada com

a sua capacidade de capturar características de intensidade da imagem em diferentes escalas. A *symlet*, especificamente, é ideal para o processamento de imagens, pois é quase simétrica e, por isso, evidencia melhor qualquer mudança de padrão de nível de cinza. A capacidade de generalização é a justificativa para aplicar RNA no presente trabalho, pois as imagens de mamografias digitais apresentam intensidades diversificadas e a RNA, se alimentada por um bom extrator de características, é capaz de produzir bons resultados na separação de regiões de alta e baixa intensidade.

A fase 2 (classificação) está dividida em três etapas. Na primeira etapa, a extração de características de intensidade pela RNA, qualquer imagem da base de teste, desde que não utilizada na fase de treinamento, pode ser submetida à rede neural. Para isso, a imagem deve ser separada em lâminas por faixa de intensidade, assim como as imagens usadas na fase de treinamento. Cada lâmina é processada pela sua respectiva rede neural. Ao final do processo, cada lâmina contém informações de intensidade bastante evidenciadas. Na segunda etapa, a aplicação do filtro de gradiente acumulado, as lâminas resultantes são processadas por um filtro de gradiente acumulador, que soma (acumula) as intensidades de cada posição interceptada pela direção do gradiente. Assim, cada lâmina terá funções de gradiente acumulado (FGA). Na terceira etapa, toda FGA (dentro de cada lâmina) que não satisfaz a determinados critérios estatísticos e heurísticos é eliminada. As FGA's que não são eliminadas passam por uma nova etapa de classificação heurística, desta vez comparando as FGA's entre lâminas subsequentes. Esta última etapa resulta na indicação de possíveis massas na mamografia. Os capítulos seguintes apresentam cada etapa da metodologia.

1.7 Estado da Arte – Principais Avanços na Detecção de Massas em Mamografias Digitalizadas

Muitos esforços vêm sendo realizados com o objetivo de detectar massas em mamografias. Domínguez e Nandi (2008) propuseram um método automático de detecção de massas em mamografias que, após uma etapa inicial de melhoria de contraste, realiza a segmentação de regiões por limiarização em múltiplos níveis obtendo em seguida um conjunto de características para cada região segmentada. Em seguida, as regiões são classificadas de forma a se enfatizar aquelas que apresentam maior probabilidade de anormalidade de acordo com o conjunto de características levantadas. Essa abordagem obteve 80% de sensibilidade (Fawcett, 2006), analisando 57 imagens do banco de mamografias mini-

MIAS (Suckling, et al., 1994). O método proposto utiliza o princípio de selecionar todas as possíveis regiões e depois separar aquelas que representam massas. Essa abordagem tem a desvantagem de produzir uma quantidade grande de regiões que devem ser processadas, mas, por essa mesma razão, tem a vantagem de apresentar sensibilidade inicial elevada (Domínguez e Nandi, 2008).

Brahim Belhaouari, et. al. (2011), propuseram um método para diagnosticar mamografias através da extração de características por métodos estatísticos, gerando um vetor de características pré-classificado (obtido por transformada wavelet). Após a etapa de extração de características, um conjunto contendo 70% das mamografias é utilizado no treinamento de uma SVM (*support vector machine*, ou máquina de vetor suporte). Na fase de classificação, as imagens restantes (30%) são classificadas pela SVM treinada. A base utilizada é mini-MIAS (Suckling, et al., 1994). A acurácia (Fawcett, 2006) obtida na identificação entre normal e anormal atingiu 94,79%. Uma nova etapa de classificação é proposta para o tecido anormal (tumor) para determinar com 100% de acurácia quando um tumor é benigno ou maligno. O experimento utilizou todas as 322 imagens da base. É importante ressaltar que tal metodologia determina se há ou não tecido anormal e se este tecido representa tumor benigno ou maligno, mas sem identificar a sua localização e, conseqüentemente, sem tornar possível o estudo de sua forma. Como consequência direta, este método não pode ser usado para dar suporte a um classificador *BIRADS®* (Riedl, et al., s.d.). Vale ressaltar ainda que um conjunto de treinamento tão vasto torna a utilização do método difícil na prática.

Javadi e Faez (2012) propuseram uma metodologia para diagnóstico de tumores em mamografias (benigno \times maligno) que consiste em extração de características por wavelet, utilização de PSO (*Particle Swarm Optimization* ou Otimização por Enxame de Partículas) para selecionar as características mais relevantes e, finalmente, criação de regras Fuzzy para classificar e diagnosticar as imagens. Foi obtida sensibilidade de 92,25% no diagnóstico de tumores benignos e malignos usando a base de mamografias mini-MIAS (Suckling, et al., 1994). Este trabalho não pode ser usado para suportar um classificador *BIRADS®*, pois, novamente, a massa não é localizada na mamografia e, conseqüentemente, nada se pode afirmar sobre seu formato.

Em trabalho anterior, Wirti e Salles, (2011) propuseram uma estratégia de segmentação de massas em mamografias digitalizadas baseada na investigação da intensidade da imagem. Nesse trabalho, foi empregada a transformada wavelet para treinar uma rede perceptron multicamadas (MLP, *Multilayer Perceptron*) com uma camada oculta com

algoritmo de retropropagação de erro. Após a fase de treinamento, mamografias com possíveis massas podem ser submetidas à rede neural treinada. O resultado do processamento é uma imagem com características relevantes evidenciadas. Neste trabalho, 19 imagens foram processadas, obtendo-se um resultado de 68,2% de sensibilidade. A metodologia proposta funciona adequadamente para imagens de intensidade média baixa, correspondentes a mamas pouco densas. Entretanto, o método é sensível ao valor de limiarização utilizado para evidenciar achados suspeitos, após o processamento pela rede neural artificial (RNA) (Wirtti e Salles, 2011).

No intuito de aprimorar os resultados, o presente trabalho sugere a separação da imagem original em lâminas, que são imagens da massa com faixas de intensidade pré-definidas. Cada lâmina será processada por uma RNA compatível com a sua faixa de intensidade. As lâminas processadas pelas respectivas RNA's são submetidas a um filtro de gradiente acumulado que seleciona os achados mais compatíveis com massas. Por último, as lâminas resultantes do processamento pelo filtro de gradiente acumulado são analisadas de acordo com critérios heurísticos, resultando na seleção (localização) das possíveis massas na mamografia.

1.8 Estrutura da Dissertação

O resto deste trabalho se divide da seguinte forma: capítulo 2 é apresentada a metodologia de extração de características; no capítulo 3 é apresentada uma estratégia de automação da extração de características; no capítulo 4 é apresentado o projeto e implementação do filtro de gradiente; e no capítulo 5 é apresentada a classificação heurística. Por fim, no capítulo 6 discutem-se os resultados e possíveis melhorias e, são apresentadas as conclusões.

Capítulo 2: Extração de Características por Wavelet

A transformada wavelet (Mallat, 1989) vem sendo amplamente utilizada para extração de características em mamografias digitalizadas. O presente trabalho utiliza a transformada wavelet para extrair características de intensidade da mamografia digitalizada, com a finalidade de estabelecer se um pixel pertence a uma região de alta intensidade ou de baixa intensidade em relação à sua vizinhança. O tipo de wavelet utilizada é *symlet* (Figura 2.1) da classe *dbN* (Daubechies wavelets, ou seja, é uma transformada ortonormal), que apresenta a interessante propriedade de amostrar sinal com pouca assimetria (Mallat, 2009). Além disso, a *symlet*, como possui um comportamento de fase quase linear, gera pouco artefato no sinal a ser processado. Essas características tornam a *symlet* adequada ao processamento de imagens, razão pela qual foi escolhida para este trabalho.

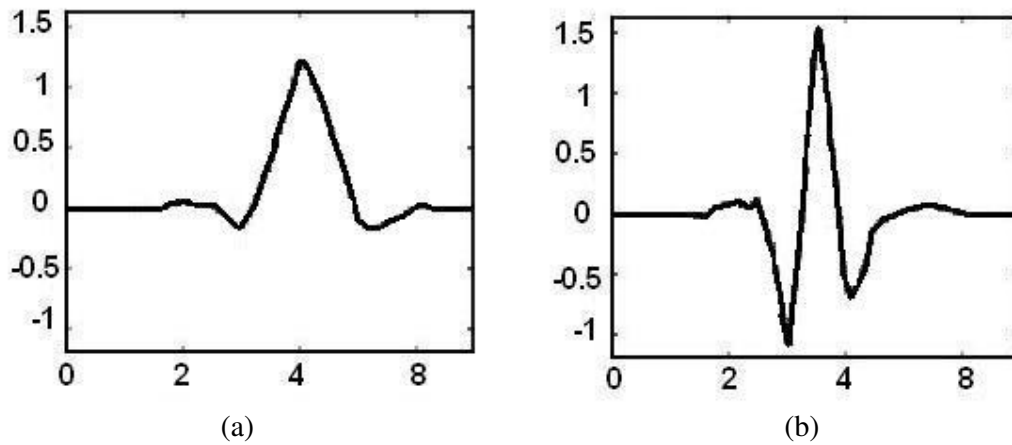


Figura 2.1 (a) função de escala ϕ , (b) função wavelet ψ .

2.1 Projeto e Implementação do Extrator de Características

O projeto do extrator de características tem o objetivo de detectar em múltiplas escalas a intensidade de pixels de uma imagem (mamografia). Posteriormente, tais intensidades servirão para alimentar um sistema RNA que classificará regiões como de baixa ou alta intensidade.

2.1.1 Especificação do Extrator de Características

O extrator de características tem como entrada um conjunto de cerca de 100 pontos em regiões de alta intensidade e cerca de 100 pontos em regiões de baixa intensidade. Os pontos são marcados por um especialista (que sabe identificar regiões que são potenciais massas).

Para cada linha do vetor de entrada (que representa uma intensidade) é gerada uma janela de 32×32 pixels (subimagem), conforme ilustra a Figura 2.2. Sobre cada subimagem é aplicada a transformada wavelet do tipo *symlet* (Mallat, 2009) nas escalas 16, 8 e 4 (duas amostras nesta escala), gerando um vetor de características de densidade, $P_d \in R^4$, para cada linha do vetor de entrada (Wirtti e Salles, 2011).

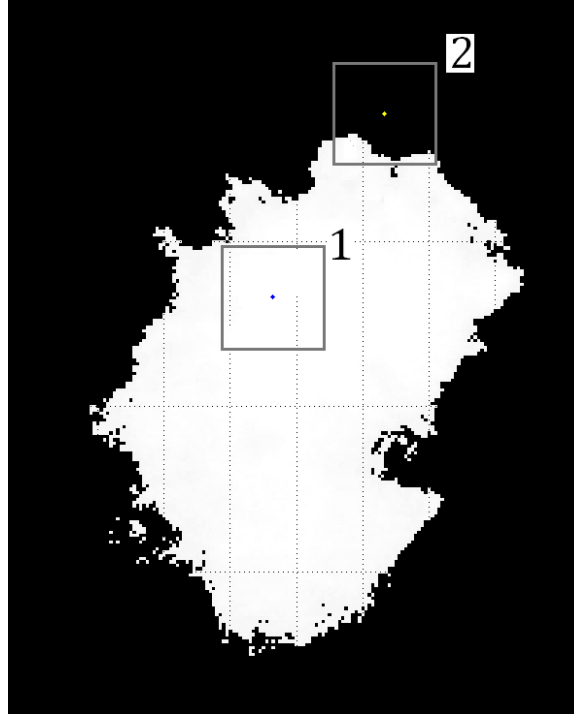


Figura 2.2 Pontos escolhidos pelo especialista e suas subimagens 1 e 2 de 32×32 pixels.

O vetor P_d é representado pela equação a seguir:

$$P_d = \frac{1}{n_d \times n_d} \sqrt{\sum_{i=1}^{n_d} \sum_{j=1}^{n_d} x_d^2(i, j)} \quad , \quad d = 1, 2, 3, 4, \quad (2.1)$$

onde x_d é a matriz de coeficientes da transformada wavelet na escala d , $d = 1, 2, 3, 4$, com dimensão $n_d \times n_d$ onde $(n_1 = 16, n_2 = 8, n_3 = n_4 = 4)$ (Wirtti e Salles, 2011).

Na próxima seção são apresentados os detalhes de implementação do extrator de características.

2.1.2 Implementação do Extrator de Características

O extrator de características proposto neste trabalho decompõe cada subimagem 32×32 pixels aplicando o banco de filtros wavelet (Figura 2.3). A decomposição para extração de características consiste em aplicar a cada quadrícula de 32×32 pixels da imagem o banco de filtros da Figura 2.3, em três etapas. A primeira etapa consiste em aplicar o filtro sobre a subimagem 32×32 , resultando nos coeficientes a_1 , h_1 , d_1 e v_1 , nível L_1 na Figura 2.4. A segunda etapa consiste em aplicar novamente o filtro da Figura 2.3, desta vez sobre a matriz de coeficientes a_1 , resultando nos coeficientes a_2 , h_2 , d_2 e v_2 representados pelo nível L_2 na Figura 2.4. A terceira etapa consiste em aplicar o filtro novamente, desta vez sobre a matriz de coeficientes a_2 , resultando nos coeficientes a_3 , h_3 , d_3 e v_3 .

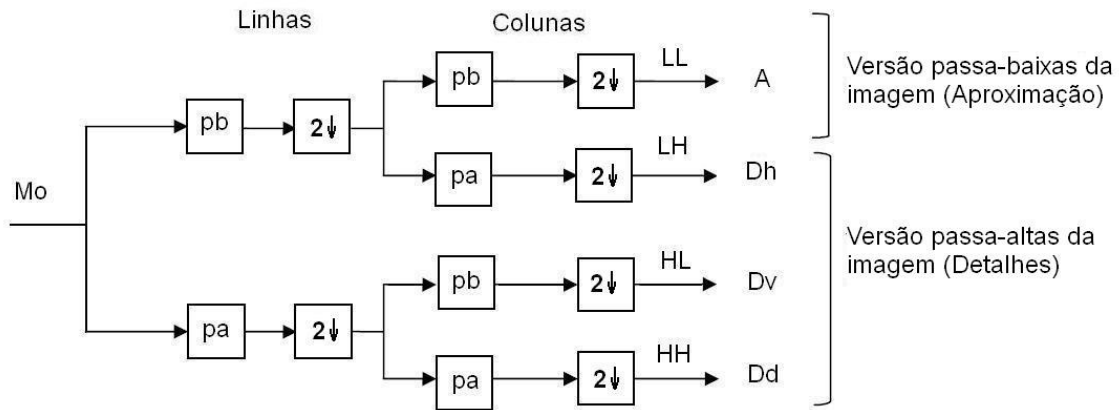


Figura 2.3 Banco de filtros implementado por transformada wavelet.

Após a aplicação do filtro, os elementos a_1 (aproximação de baixa frequência, 16×16), a_2 (aproximação de baixa frequência, 8×8), a_3 (aproximação de baixa frequência, 4×4) e h_3 (alta frequência horizontal, 4×4) são escolhidos para representar, respectivamente, x_d , $d=1,2,3,4$, na eq. (2.1). Através desse processo, obtém-se o vetor de características, P_d , da eq. (2.1), que contém informações de intensidade em redor do pixel centralizado na subárea de 32×32 pixels em múltiplas escalas: 16×16 , 8×8 , 4×4 .

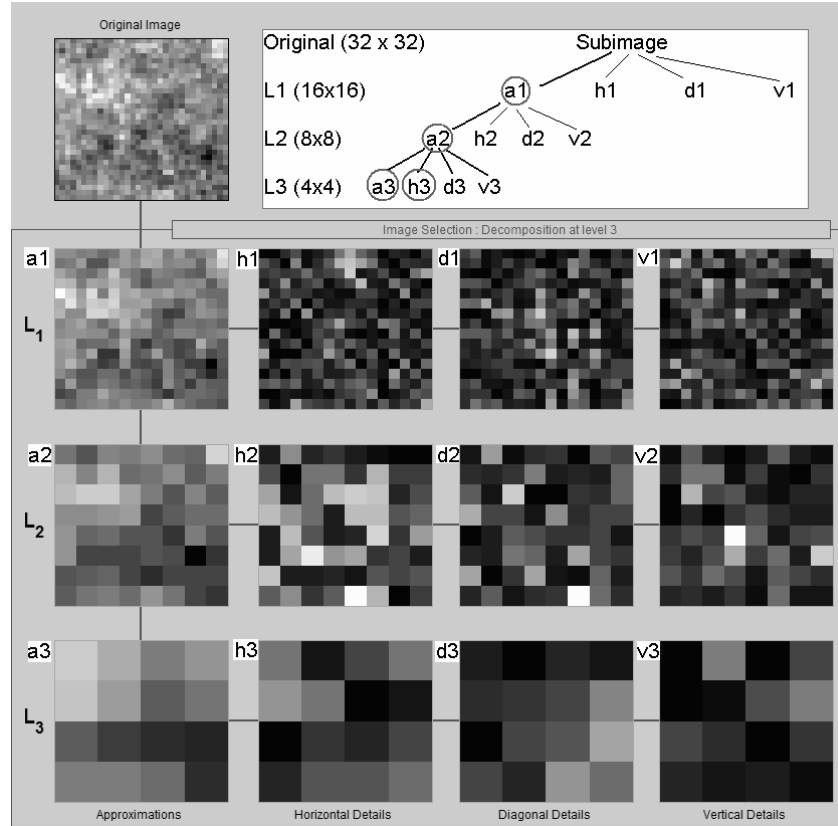


Figura 2.4 Processamento por Wavelet de uma subimagem 32×32 pixels (Wirtti e Salles, 2011).

A Figura 2.5 mostra o fluxograma do algoritmo de extração de características de intensidade (blocos de AQUISIÇÃO DE PONTOS e EXTRAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS). A primeira etapa é a aquisição dos pontos. O especialista deve marcar cerca de 100 pontos dentro das regiões de alta intensidade e cerca de 100 pontos em regiões de baixa intensidade. Logo após, o vetor é submetido ao extrator de características definido pela eq. (2.1). O resultado é uma estrutura, $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$, $4 \times n$, onde n é o número de pontos selecionados pelo especialista na fase de treinamento.

2.2 Resultados Experimentais Comentados

O vetor de características, P_d , (eq. (2.1)), caracteriza o tipo da subimagem, como se pode observar na Tabela 2.1. É notável a diferença entre os valores da subimagem 1 (área de alta intensidade) e da subimagem 2 (área de baixa intensidade). A coluna Tr (target) é o parâmetro para o treinamento da RNA. O valor 1 se aplica ao caso em que o ponto de treinamento está dentro da área de alta intensidade, e o valor 0 (zero) se aplica ao caso em que o ponto de treinamento está fora da área de alta intensidade.

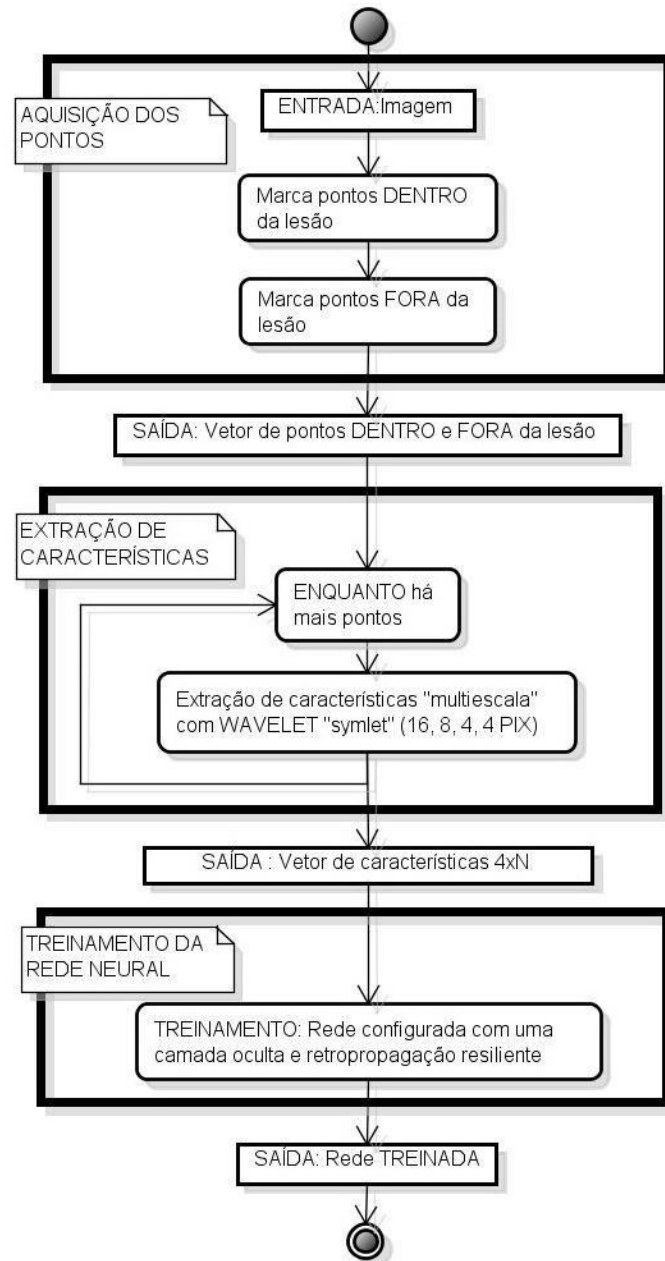


Figura 2.5 Algoritmo do extrator de características de intensidade.

Tabela 2.1. Resultado da avaliação de P_d para as subimagens 1 e 2 da Figura 2.2.

<i>Subimagem</i>	P_1	P_2	P_3	P_4	T_r
1	0,1245	0,4979	1,9915	1,9915	1
2	0,0478	0,1746	0,6009	0,6009	0

Outras configurações para a composição de x_d (eq. (2.1)) foram testadas e também resultaram em padrões separáveis, com resultados sensivelmente inferiores aos ilustrados na

Tabela 2.1. Observou-se, entretanto, que sempre que os elementos do tipo A (aproximação em baixa frequência) são considerados, a separação entre as subimagens de baixa e de alta intensidade fica mais evidente.

A Figura 2.6, a seguir, mostra as marcações (aquisição de pontos) realizadas por um especialista, seguindo o algoritmo da Figura 2.5, apontando regiões de alta intensidade (em azul) e de baixa intensidade (em amarelo) usando o software Matlab®. O conjunto de pontos resultante alimenta o extrator de características que, após processamento, resulta na estrutura $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$.

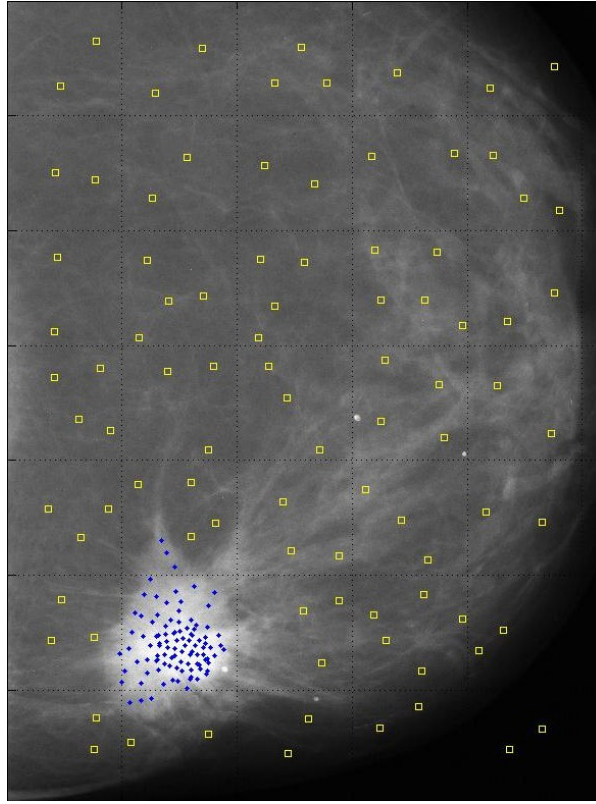


Figura 2.6 Imagem marcada para extração de características. Os pontos marcados por pequenos losangos (em azul) representam regiões de alta intensidade; os quadrados amarelos, regiões de baixa intensidade.

A Figura 2.7 representa, em coordenadas cartesianas, os valores P_1, P_2 e P_3 de cada coluna de $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$. É possível observar nesta figura que o processo de extração de características funciona bem, separando os pixels de alta intensidade dos de baixa intensidade.

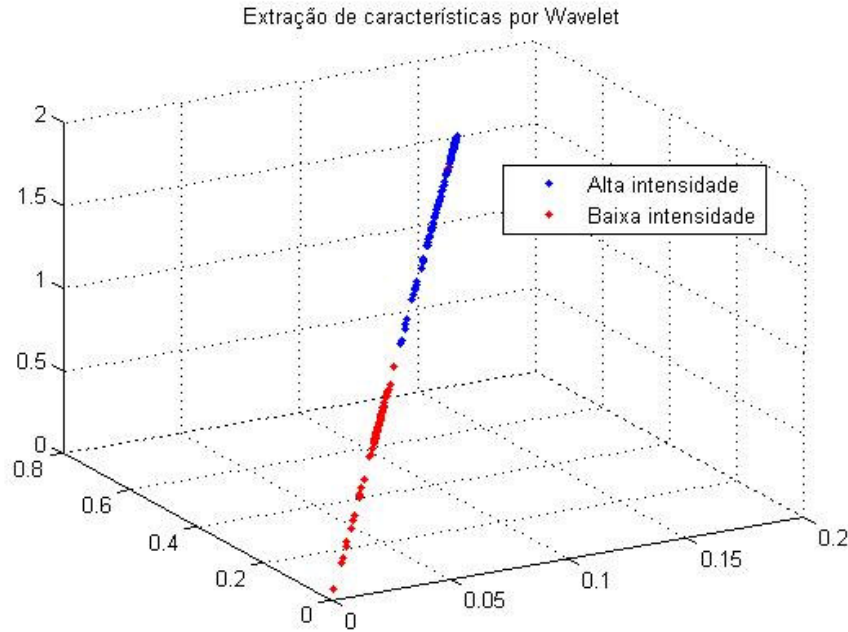


Figura 2.7 Cada ponto representa, em coordenadas cartesianas, os valores P_1, P_2 e P_3 de cada coluna de $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$.

Ainda sobre a decomposição wavelet da imagem, é importante enfatizar que a escolha da janela de 32×32 pixels é a que apresenta resultado mais satisfatório, quando comparada com janelas menores ou maiores, de acordo com a percepção do especialista. Para janelas maiores (por exemplo, 64×64 pixels), áreas de baixa intensidade são incluídas no conjunto que deveria conter apenas elementos classificados como de alta intensidade. Para janelas menores (por exemplo, 16×16 pixels) a análise multiescala fica prejudicada, uma vez que só há dois subníveis, 8×8 e 4×4 . Desta forma, apenas uma parte dos pixels de alta intensidade são classificados como de alta intensidade, ou seja, alguns pixels de alta intensidade são erroneamente classificados como de baixa intensidade (Wirtti e Salles, 2011). Em resumo, quando se tenta obter medidas mais acuradas de densidade de uma região (reduzindo o tamanho da janela), a observação da variação de densidade entre os pixels fica prejudicada. Por outro lado, quando se tenta medir mais precisamente como a densidade varia em uma região (aumentando o tamanho da janela e, conseqüentemente, a variação do espectro), a medida da densidade em si fica prejudicada. Também por essa razão optou-se pela transformada wavelet como base do extrator de características, pois esta técnica permite capturar características de densidade em várias escalas.

Capítulo 3: Automação do Processo de Extração de Características com RNA

Este capítulo aborda o método de automação do extrator de características utilizando RNA do tipo MLP. A RNA é uma ferramenta matemática versátil, que tem seu poder computacional proveniente de uma estrutura paralela massiva, e com habilidade de aprender padrões e generalizá-los (Haykin, 1998). A tecnologia RNA é adequada à automação do processo de extração de características, devido à sua capacidade intrínseca de aprender e generalizar.

3.1 Projeto do Extrator de Características com RNA

Com o conjunto de vetores de características $C = [P_1, P_2, P_3, P_4]^T$, (de dimensão $4 \times n$, onde n é o número de pontos selecionados pelo especialista na fase de treinamento) definido, o próximo passo é treinar a RNA. A rede neural escolhida para a tarefa proposta é a *perceptron* multicamadas (MLP) com uma camada oculta e algoritmo de retropropagação de erro resiliente (Haykin, 1998). A configuração proposta tem a propriedade de realimentar o erro de processamento, resultando em uma convergência mais rápida na fase de treinamento. O termo “resiliente” significa que apenas o sinal do erro é levado em consideração para corrigir a realimentação da rede, contribuindo para melhorar o desempenho da convergência do algoritmo (Wirtti e Salles, 2011). A arquitetura proposta (Figura 3.1) para a RNA é a seguinte:

- Entradas: 4, vetor P_d (eq. (2.1));
- Neurônios na camada oculta: 4;
- Função de transferência com uma camada oculta: log-sigmoidal;
- Entradas na camada de saída: 4;
- Neurônios na camada de saída: 1;
- Função de transferência na camada de saída: log-sigmoidal;

3.1.1 Treinamento da RNA para Segmentação da Mamografia

O treinamento é realizado fornecendo-se o vetor de características, C , e o vetor de alvos, T_r (de dimensão $1 \times n$, onde n é o número de pontos selecionados pelo especialista na fase de treinamento), à RNA descrita anteriormente. O objetivo do treinamento é obter os parâmetros livres (pesos sinápticos e nível de bias) que minimizam o erro calculado pelo algoritmo de retropropagação (Haykin, 1998). A Figura 2.5 mostra, no bloco “TREINAMENHO DA REDE NEURAL”, a alimentação da rede em treinamento. O vetor de entrada, fornecido pela eq. (2.1), é processado pela rede em treinamento, que ajusta seus pesos sinápticos de forma a minimizar o erro conforme o algoritmo de retropropagação de erro. A utilização de apenas uma camada oculta proporciona uma maior independência do resultado em relação ao conjunto de treinamento.

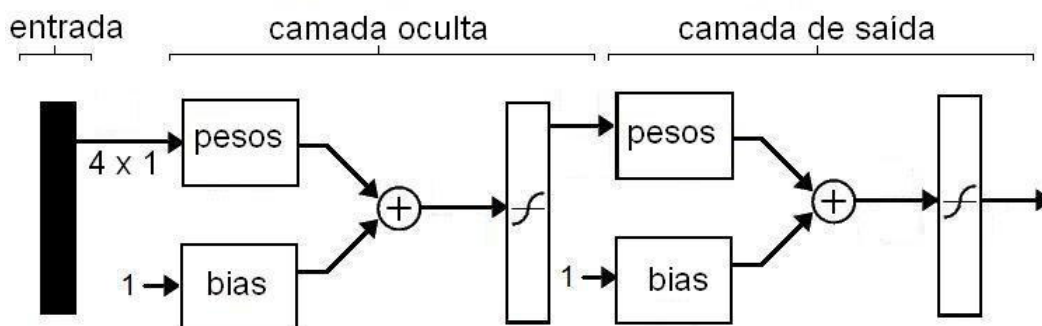


Figura 3.1 Arquitetura da RNA

3.1.2 Segmentação de Mamografias pela RNA Treinada

A Figura 3.2 mostra o processo de segmentação de mamografia digitalizada proposto por Wirtti e Salles (2011). Na primeira etapa, a “SELEÇÃO MANUAL DA ROI”, uma porção de interesse da imagem é selecionada (geralmente toda a imagem). A região selecionada é submetida à “EXTRAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DA ROI POR WAVELET”. Nesta etapa, cada pixel é submetido ao extrator de características descrito no capítulo 2 deste trabalho. Obtido o vetor de características, ocorre a etapa de “CLASSIFICAÇÃO DO VETOR DE ENTRADAS PELA REDE NEURAL”, na qual cada pixel da ROI é submetido à classificação pela rede neural. O resultado da aplicação do classificador RNA para uma mamografia com densidade média semelhante à da mamografia da Figura 2.6 pode ser observado na Figura 3.3(b). A Figura 3.3(a) representa a mamografia original, anterior ao processamento pela RNA.

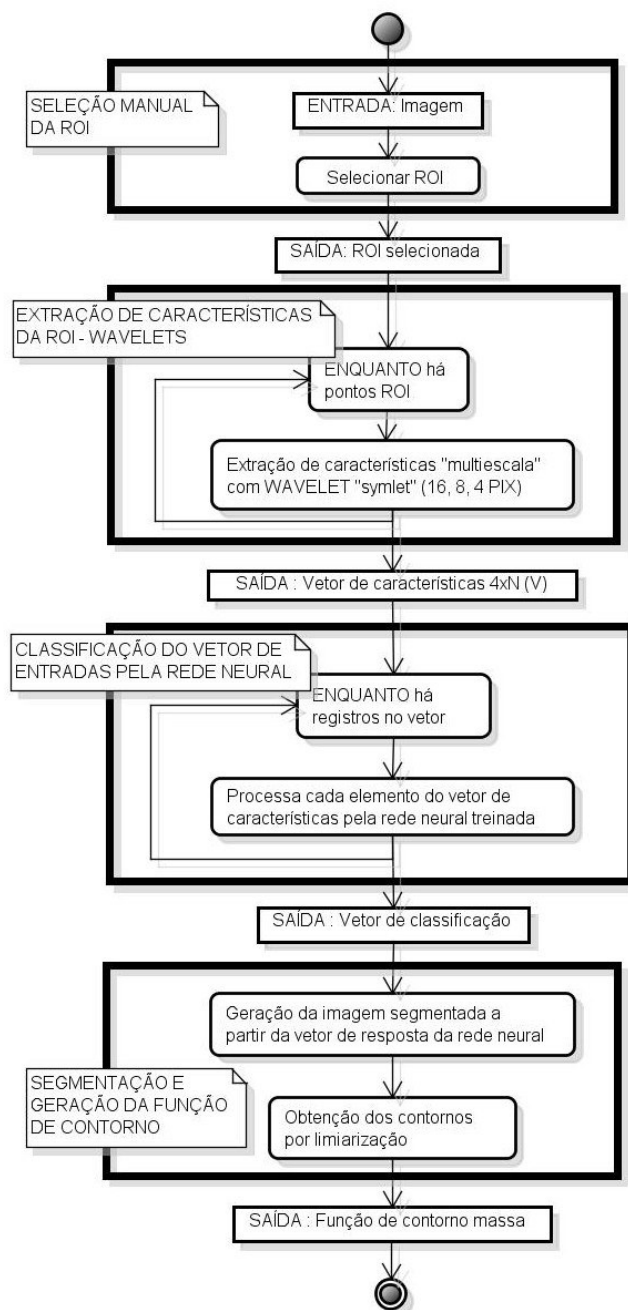


Figura 3.2 Segmentação de mamográfica digitalizada por RNA com wavelet.

Após a segmentação (Figura 3.3(b)), deve-se estabelecer um critério de limiarização (*threshold*) para estabelecer a localização das possíveis massas na imagem segmentada. Conforme discussão em Wirtti e Salles (2011), observa-se que se a imagem processada apresenta intensidade média muito diferente daquelas usadas na fase de treinamento (conjunto de treinamento) da RNA. Então o valor de limiarização para segmentação é bastante baixo, se comparado com o valor de limiarização para uma imagem de intensidade média semelhante às imagens do conjunto de treinamento. Por exemplo, se a intensidade média da imagem de

entrada é muito inferior à intensidade média do conjunto de treinamento, então o valor de limiarização da imagem processada é relativamente baixo, próximo a 10%; por outro lado, o valor de limiarização é alto, em torno de 90%, ou maior. Como consequência dessa observação, o algoritmo proposto na Figura 3.2 requer ajuste customizado do valor de limiarização para cada imagem processada. A Figura 3.3(c) ilustra a aplicação de valor de limiarização de 80% sobre a imagem da Figura 3.3(b).

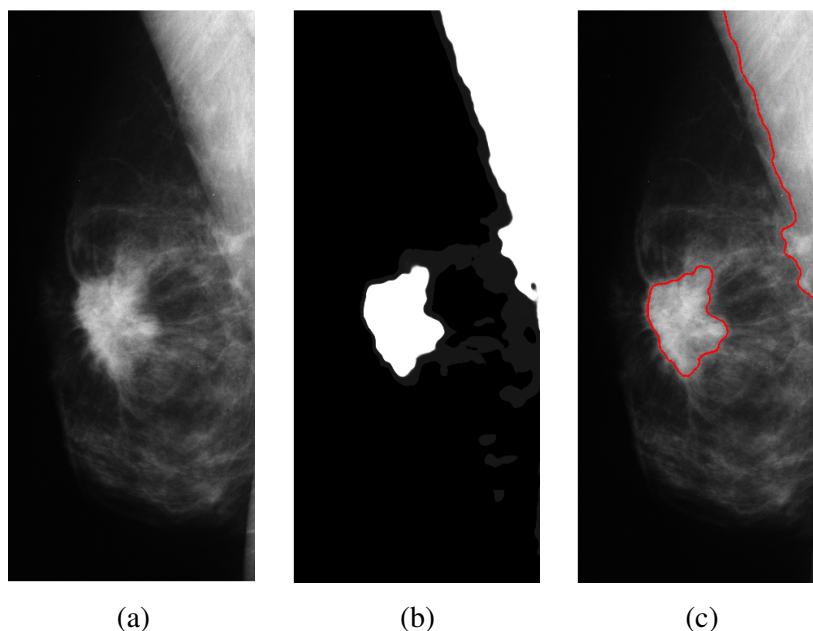


Figura 3.3 (a) Mamografia original; (b) Mamografia processada pela RNA; (c) Aplicação de limiarização e detecção de contorno (Wirtti e Salles, 2011).

Uma limitação importante da solução proposta por Wirtti e Salles (2011), algoritmo da Figura 3.2, é que o resultado da segmentação só é satisfatório para mamografias de baixa intensidade média, ou seja, mamografia de mama parcialmente liposubstituída ou adiposa (seção 1.3.2), pois estas mamografias apresentam, geralmente, maior contraste entre seus elementos. Mamografias de mamas densas, ou seja, mamografias digitais de intensidade média elevada, não são processadas satisfatoriamente por este método.

3.2 Projeto do Extrator de Características com RNA por Faixa de Intensidade

Para tratar a limitação do método apresentado com relação a mamografias de mamas densas, onde o contraste entre os elementos da mamografia é baixo, Wirtti e Salles (2012) propõem um método alternativo, no qual tanto as imagens do conjunto de teste quanto aquelas que se pretende diagnosticar são subdivididas em fatias por faixa de intensidade, ou lâminas.

A subdivisão em lâminas (faixas) se justifica pois a extração de características por faixas de intensidade permite a obtenção de detalhes de variação de intensidade que não são percebidos quando a extração de características acontece para a imagem inteira (todo o intervalo de níveis de cinza), conforme abordagem de Wirtti e Salles (2011). De fato, a separação da imagem em lâminas é a estratégia adotada por Wirtti e Salles (2012) para enfrentar o problema encontrado no trabalho anterior. A estratégia de extração de características por faixa de intensidade permite detectar, como será mostrado nos próximos capítulos, massa em mama densa e massa com densidade inferior à do tecido em seu entorno.

3.2.1 Treinamento da RNA e Classificação pela RNA por Faixas de Intensidade

A nova proposta consiste em, definidas as imagens do conjunto de treinamento, subdividi-las por faixas de intensidade de nível de cinza e, para cada faixa, realizar o procedimentos de extração de características por wavelet, treinamento da RNA e classificação pela RNA descritos nas seções anteriores.

O algoritmo que realiza a extração de características e o treinamento da RNA por fatias de intensidade é ilustrado na Figura 3.4. A primeira etapa é a “SUBDIVISÃO DA IMAGEM EM FATIAS”. Antes de ser subdividida a imagem é normalizada para o intervalo $[0, 1]$, onde 0 (zero) corresponde ao nível mais baixo da escala (preto) e 1 corresponde ao nível mais alto, 255 (branco). Cada imagem resultante da subdivisão é denominada lâmina. A lâmina é obtida mantendo-se todos os bits da imagem original que estão contidos no intervalo especificado, I , e atribuindo-se zero a todos os bits fora do referido intervalo. Cada intervalo I é obtido pela equação

$$I_{i+1} = \left[\frac{1}{N} \times i, \frac{1}{N} (i + 1) \right], i = 0, 1, \dots, N - 1, \quad (3.1)$$

onde N é o número de intervalos pretendidos. As imagens utilizadas na fase de treinamento são subdivididas em 25 lâminas, L_{i+1} , $i = 0, 1, \dots, N - 1$ (Wirtti e Salles, 2012). A quantidade de lâminas é definida de forma empírica neste trabalho. Para as imagens do banco de teste, que possuem resolução de 256 níveis de cinza, 25 lâminas é um valor adequado, pois resulta em lâminas com 10 bits de variação de intensidade cada uma. Portanto, o método consegue, trabalhando com lâminas com pequenas variações de intensidade, escrutinar satisfatoriamente cada lâmina, encontrando nelas padrões que podem ser, posteriormente, classificados como massas.

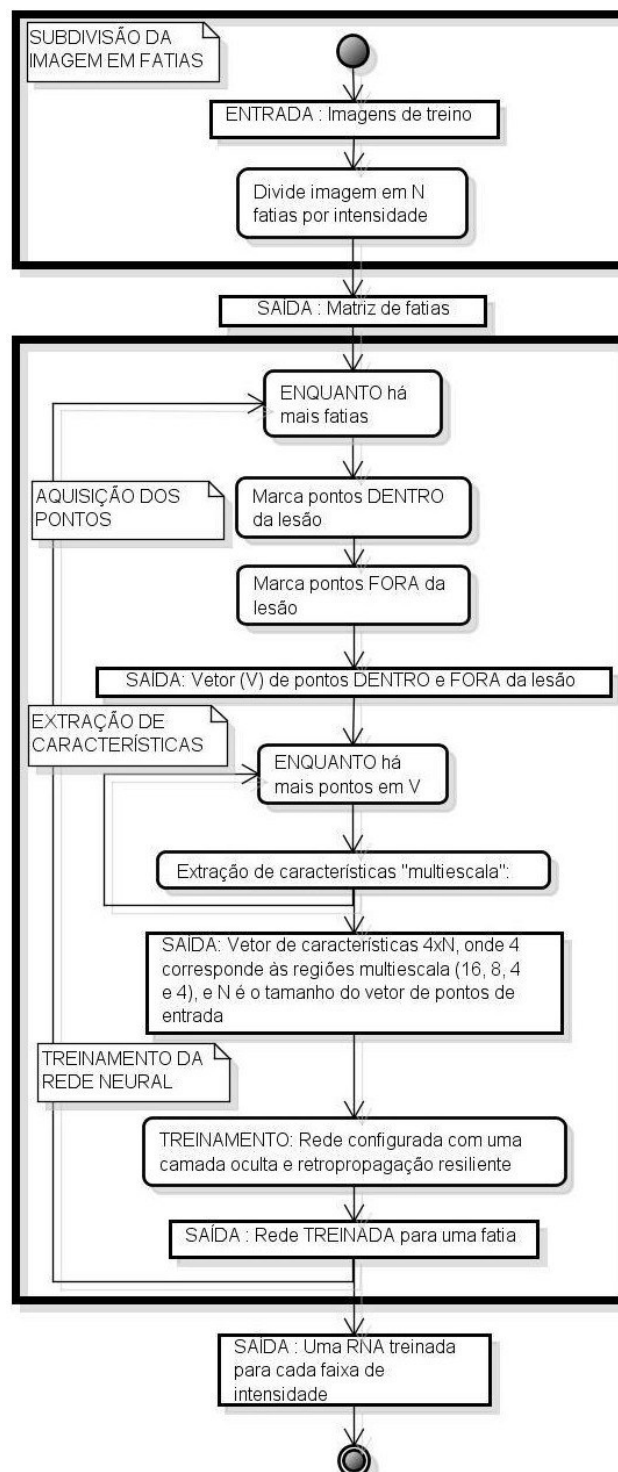


Figura 3.4 Extração de características e treinamento pela RNA por fatias de intensidade.

As etapas seguintes (“AQUISIÇÃO DE PONTOS”, “EXTRAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS” e “TREINAMENTO DA REDE NEURAL”) ocorrem da mesma

forma que nas seções anteriores deste trabalho, mas com a diferença de serem repetidas para cada lâmina L_{i+1} processada.

O algoritmo de classificação pela RNA por faixas de intensidade (Figura 3.5) segue os mesmos princípios descritos na seção 3.1.2, acrescentando-se que o processamento é realizado para cada lâmina.

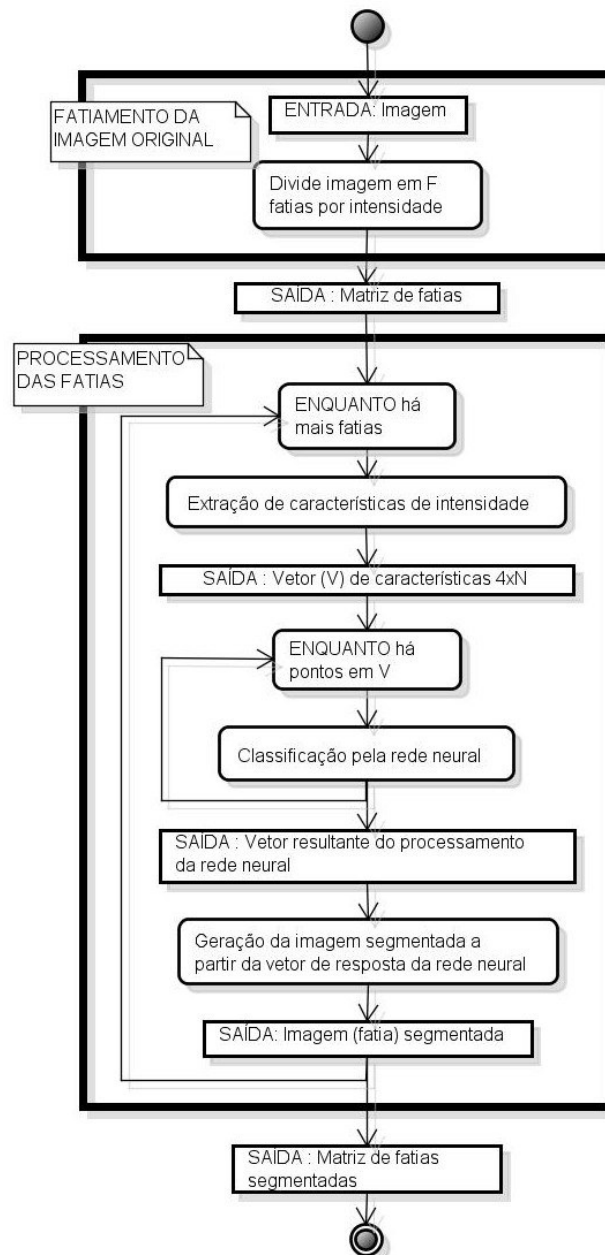


Figura 3.5 Extração de características com RNA por faixas de intensidade.

O resultado deste algoritmo é uma estrutura E , com dimensões $m \times n \times N$, onde m é o número de linhas da matriz L_{i+1} , n é o número de colunas da matriz L_{i+1} e N é o número de

lâminas processadas. As Figuras 3.6(b), (d) e (f) mostram o resultado do processamento das lâminas L_{19} , L_{20} e L_{21} pela RNA previamente treinada. As Figuras 3.6(a), (c) e (e) representam, respectivamente, as lâminas L_{19} , L_{20} e L_{21} (intervalos I_{19} , I_{20} e I_{21}), obtidas pelo processamento da eq. (3.1). A imagem utilizada neste caso é a mdb184 da base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994).

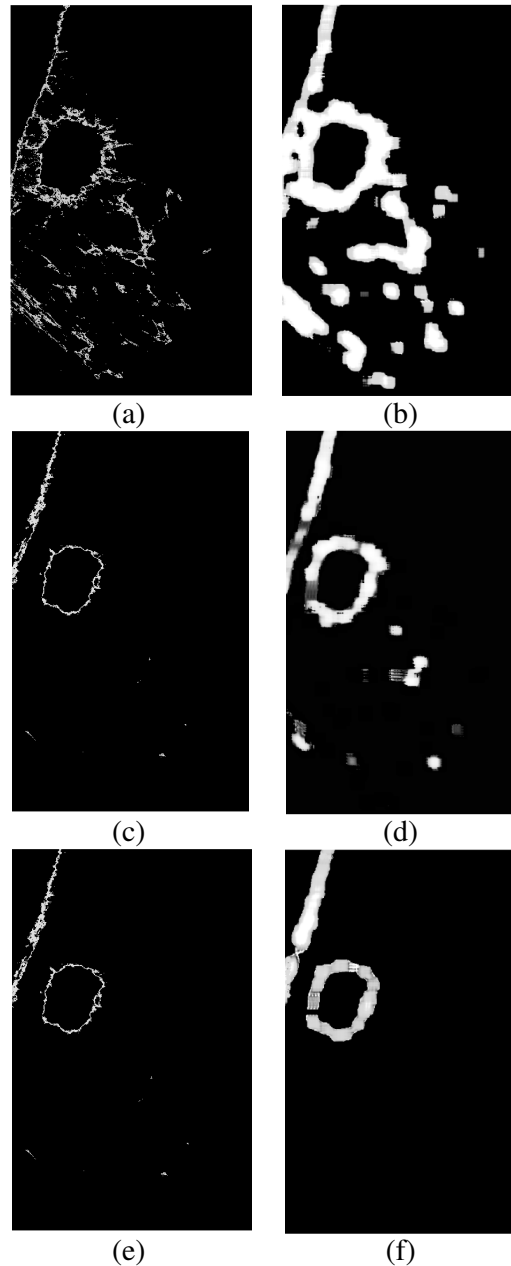


Figura 3.6 (a), (c), (e) Lâminas 19, 20 e 21 da imagem mdb184, base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994), obtidas pela eq. (3.1); (b), (d), (f) Lâminas após o processamento pela RNA.

Neste ponto é importante ressaltar a diferença entre os métodos propostos nas seções 3.1 e 3.2. No método da seção 3.1, o classificador RNA entrega uma imagem pronta para ser

segmentada por algum método de detecção de bordas, com fator de limiarização arbitrário. Como já discutido, este método não funciona para mamografias de mamas densas. No método da seção 3.2, o classificador RNA entrega um conjunto de N imagens pré-segmentadas por faixa de intensidade e com características de intensidade melhoradas. Essas imagens, apenas, não permitem qualquer conclusão a respeito da localização de massas na mamografia analisada. No capítulo 4 é proposto um método para tratar as lâminas resultantes da extração automatizada de características usando o conceito de gradiente.

3.2.2 Relação entre Entrada e Saída da RNA

A RNA é um operador não linear, portanto não é possível a definição de uma função de transferência que relacione de forma linear os pixels de entrada com os de saída da RNA. Mesmo assim, é válido discutir com mais profundidade a escolha das quadrículas de tamanho 32×32 pixels, usadas pelo extrator de características. Para subsidiar a discussão, o procedimento da seção anterior foi realizado para a imagem, mdb270 da base mini-Mias (Suckling, et al., 1994) para quadrículas de tamanho 8×8 , 16×16 , 32×32 e 64×64 pixels. Após o treinamento, ilustrado pelo fluxograma da Figura 3.4, realizou-se a classificação de cada lâmina da própria imagem pela RNA correspondente (procedimento ilustrado pelo fluxograma da Figura 3.5). Vale ressaltar que esse procedimento serve para avaliar a resposta da RNA sobre o próprio conjunto de treinamento, com o objetivo de estabelecer a relação entre cada faixa de entrada definida pela eq. 3.1 e a sua respectiva saída. A idéia é ilustrar a relação entre as entradas (lâminas) e as saídas (processadas pela RNA). O processamento é realizado sobre as lâminas 8, 15 e 23 (Figura 3.7(a), (f) e (k), respectivamente). Essas lâminas são boas representantes do conjunto de lâminas, pois apresentam diferentes intensidades médias e distribuição de pixels. Vale ressaltar que a intensidade média das lâminas tende a crescer da lâmina 8 para a 23. Observou-se experimentalmente que esse comportamento é característico, com raras exceções.

O processamento da lâmina 8 (Figura 3.7(a)) pelos extratores de características 8×8 , 16×16 , 32×32 e 64×64 resulta nas imagens das Figuras 3.7(b), (c), (d) e (e), respectivamente. O processamento da lâmina 15 (Figura 3.7(f)) pelos extratores de características 8×8 , 16×16 , 32×32 e 64×64 resulta nas imagens das Figuras 3.7 (g), (h), (i) e (j), respectivamente. Finalmente, o processamento da lâmina 23 (Figura 3.7(k)) pelos extratores de características 8×8 , 16×16 , 32×32 e 64×64 resulta nas imagens das Figura 3.7(l), (m), (n) e (o), respectivamente. Observa-se que quanto maior a quadrícula, maior é a

quantidade de elementos diferentes de zero no resultado, pois o mapeamento realizado pela RNA considera áreas (quadrículas) maiores.

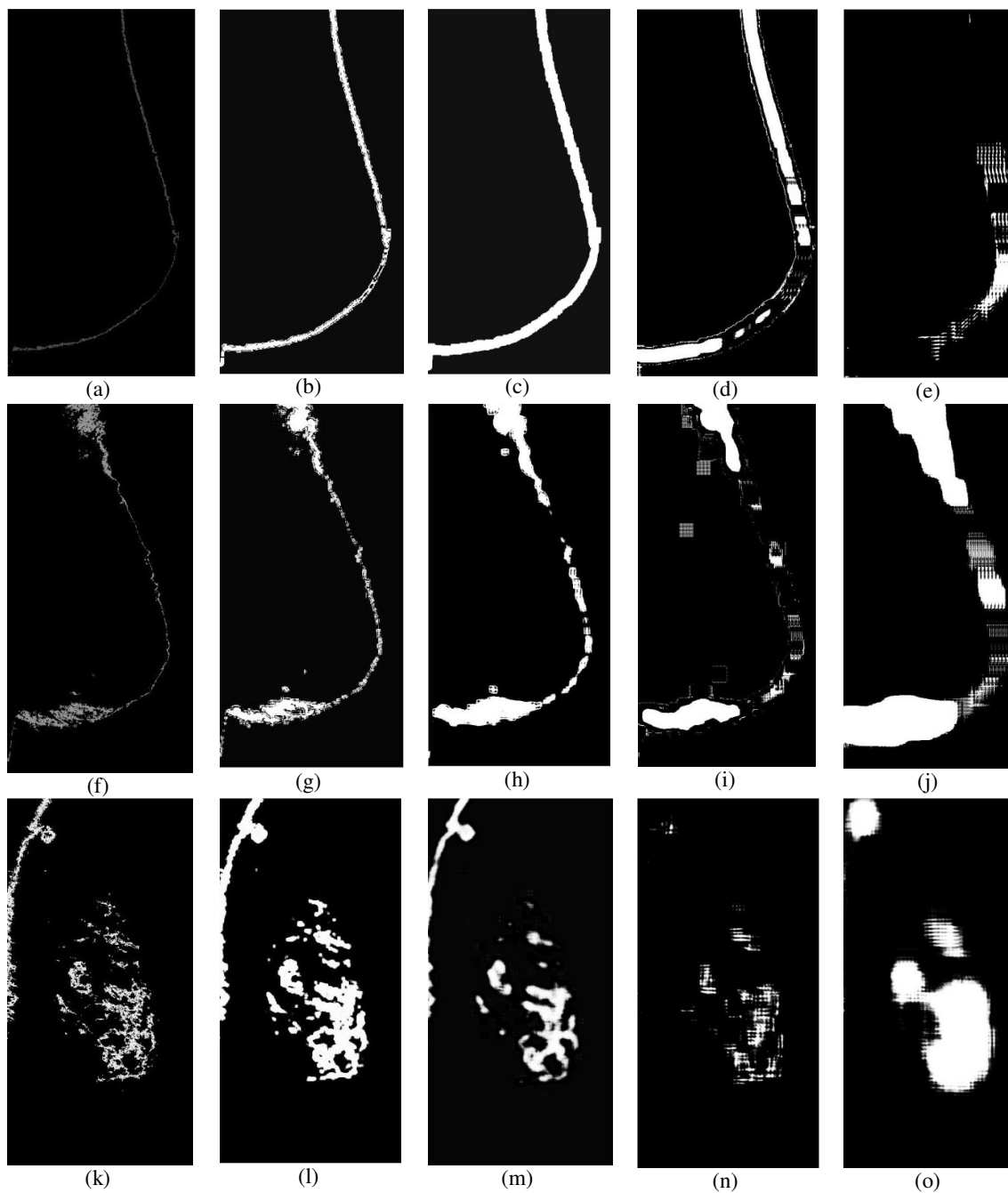


Figura 3.7 Lâminas de entrada (a) 8, (f) 15 e (k) 23. Saída RNA para a lâmina 8 (b) 8×8 , (c) 16×16 , (d) 32×32 e (e) 64×64 . Saída RNA para a lâmina 15 (g) 8×8 , (h) 16×16 , (i) 32×32 e (j) 64×64 . Saída RNA para a lâmina 23 (l) 8×8 , (m) 16×16 , (n) 32×32 e (o) 64×64 .

Cada gráfico da Figura 3.8 apresenta a relação entre as lâminas de entrada 8 (abscissa em torno de 0,3), 15 (abscissa em torno de 0,6) e 23 (abscissa em torno de 0,9) da imagem mdb270 e a saída do processamento realizado pela RNA para cada dimensão de quadrícula.

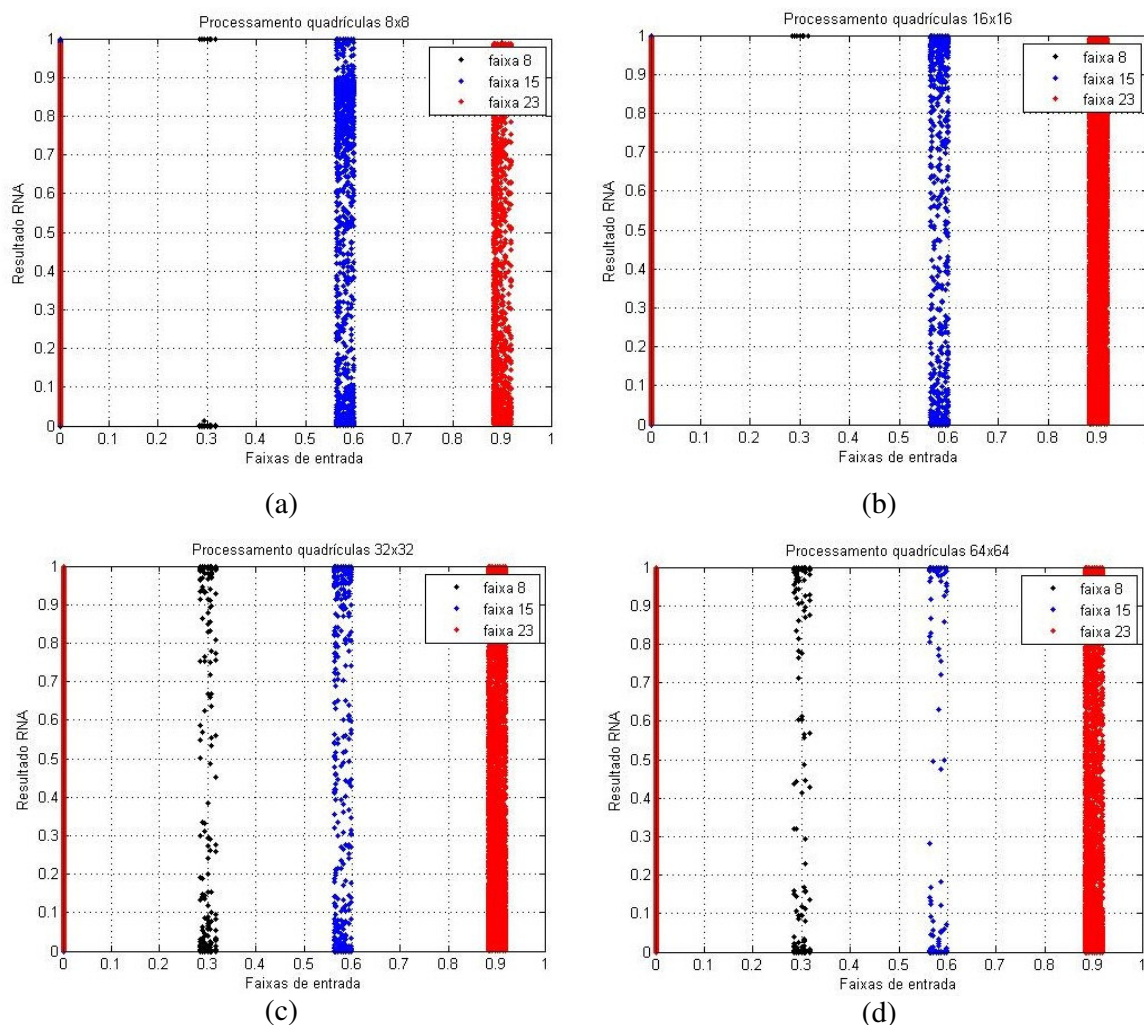


Figura 3.8 Relação entre entrada e saída do extrator de características para quadrículas de tamanho (a) 8×8 , (b) 16×16 , (c) 32×32 e (d) 64×64 .

Dessa forma, o gráfico da Figura 3.8(a) representa o mapeamento entre as lâminas de entrada das Figuras 3.7(a), (f) e (k) e as respectivas lâminas de saída, Figura 3.7(b), (g) e (l), com o processamento do extrator de características configurado para quadrículas 8×8 . O gráfico da Figura 3.8(b) apresenta o mapeamento entre as lâminas de entrada das Figuras 3.7(a), (f) e (k) e as lâminas de saída das Figuras 3.7(c), (h) e (m), respectivamente, com o processamento do extrator de características configurado para quadrículas 16×16 . O gráfico da Figura 3.8(c) apresenta o mapeamento entre as lâminas de entrada das Figuras 3.7(a), (f) e (k) e as lâminas de saída das Figuras 3.7 (d), (i) e (n), respectivamente, com o processamento do extrator de características configurado para quadrículas 32×32 . Finalmente, o gráfico da Figura 3.8(d) apresenta o mapeamento entre as lâminas de entrada das Figuras 3.7(a), (f) e (k) e as lâminas de saída das Figuras 3.7 (e), (j) e (o), respectivamente, com o processamento do extrator de características configurado para quadrículas 32×32 .

Nota-se que, em todos os gráficos da Figura 3.8 há pontos alinhados verticalmente sobre o valor 0 (zero) do eixo horizontal. Esses pontos representam os pixels de entrada com intensidade 0 (zero), mas que estão suficientemente próximos de regiões de intensidade diferente de zero, de forma que suas quadrículas contém alguns elementos que levam o processamento pela RNA a uma resposta diferente de zero (eixo vertical). Embora apenas os pontos correspondentes à faixa 23 sejam visíveis sobre o eixo vertical 0 (zero), os correspondentes às faixas 15 e 8 também estão presentes.

Observando mais atentamente as respostas diferentes de zero da RNA, ou seja, as faixas 8 (abscissa em torno de 0,3), 15 (abscissa em torno de 0,6) e 23 (abscissa em torno de 0,9) de todos os gráficos da Figura 3.8, pode-se ressaltar que em todos os gráficos a faixa 23 é a que apresenta maior densidade no gráfico. Essa maior densidade nos gráficos representa uma maior quantidade de pontos diferentes de zero por lâmina de entrada que apresentam resposta diferente de zero pela RNA. Isso significa que a lâmina 23 possui intensidade média maior quando comparada com as demais lâminas. Outra interpretação possível (e análoga à primeira) é que a lâmina 23 possui mais áreas diferentes de zero e, por isso, boa parte das quadrículas inclui algum elemento diferente de zero, que resulta em resposta diferente de zero da RNA. Ao observar a faixa 15 (abscissa em torno de 0,6) em todos os gráficos da Figura 3.8, percebe-se que a densidade da faixa no gráfico decresce conforme se aumenta o tamanho das quadrículas de 8×8 para 64×64 pixels. A mesma análise utilizada para a lâmina 23 se aplica à lâmina 15. Desta vez, entretanto, a quantidade de pontos diferentes de zero nas lâminas de entrada que geram saídas não nulas na RNA é menor. Por isso, a densidade da faixa no gráfico decresce quando se aumenta o tamanho da quadrícula de 8×8 para 64×64 pixels. Essa análise se estende à lâmina 8 (abscissa em torno de 0,3).

Como consequência da discussão levantada nesta seção, conclui-se que a quadrícula de dimensões 32×32 é a que melhor satisfaz as necessidades do extrator de características com RNA por faixa de intensidade, pois a quadrícula 32×32 é a que apresenta a melhor resposta em todas as faixas testadas. Entende-se como melhor resposta uma maior representatividade de pontos diferentes de zero sendo mapeados como pontos iguais a zero, mas sem que haja a distorção promovida pelo processamento com as quadrículas 32×32 pixels. Vale ressaltar que as lâminas testadas (8, 15 e 23) são boas representantes do conjunto de lâminas, pois, conforme ilustrado nas Figuras 3.7 (a), (f) e (k), a densidade das lâminas geralmente cresce (com algumas exceções) da primeira para a última lâmina. Outro aspecto que influencia positivamente para a escolha das quadrículas de 32×32 é que elas tendem a

eliminar estruturas longilíneas, o que é importante para a eliminação do tecido muscular da mama.

3.2.3 Definição dos Conjuntos de Treinamento da RNA

Segundo Wirtti e Salles (2012), um ponto importante para o sucesso da extração de características com RNA por faixa de intensidade é a escolha apropriada dos conjuntos de treinamento da RNA. Escolhas inadequadas podem levar a resultados muito aquém da capacidade da metodologia. Visto que a RNA classifica pixels por intensidade, é desejável que as imagens utilizadas no conjunto de treinamento sejam semelhantes em intensidade às aquelas que se pretende processar. Então, criou-se o seguinte procedimento para a escolha das imagens a serem utilizadas na fase de treinamento:

- Passo 1: obter média, desvio padrão, mediana, moda, momentos de terceira e quarta ordens de todas as imagens para os pixels de intensidade maior que 0,01;
- Passo 2: ordenar todas as imagens por $\tau = \text{média} + 2 \times (\text{desvio padrão})$ e média , nesta ordem, supondo que essas duas características separam as imagens em dois grupos (alta intensidade e baixa intensidade);
- Passo 3: rotular a primeira metade da lista obtida no passo 2 como “baixa intensidade” e a segunda metade como “alta intensidade” (Figura 3.9);
- Passo 4: aplicar *PCA* (Bishop, 2006), considerando todos os atributos mencionados no passo 1;
- Passo 5: Observar a separação dos conjuntos depois da aplicação do *PCA* (Figura 3.10). Caso a separação de classes sugerida no passo 3 seja satisfatória, escolher imagens “centrais” em cada classe, conforme sugerido na Figura 3.10 (rótulos dentro dos círculos), de forma que elas representem adequadamente cada uma das classes (alta e baixa intensidade).

Analisando a Figura 3.9 e Figura 3.10, as imagens 148, 12 (baixa intensidade) e as imagens 186 e 270 (alta intensidade) são boas escolhas para compor os conjuntos de treinamento, pois são “centrais” em seus grupos (baixa ou alta intensidade). Essa escolha pode ser realizada automaticamente, pois as imagens centrais de cada grupo estão associadas à mediana da primeira componente principal, obtida no passo 4 do algoritmo.

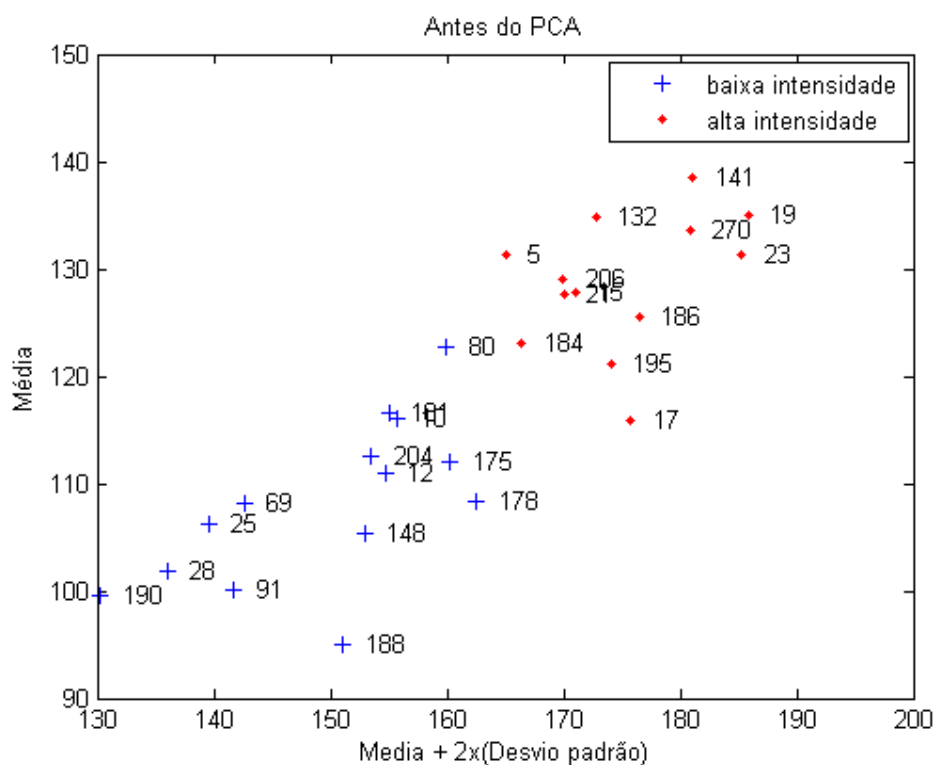


Figura 3.9 Distribuição das imagens segundo critério do passo 3.

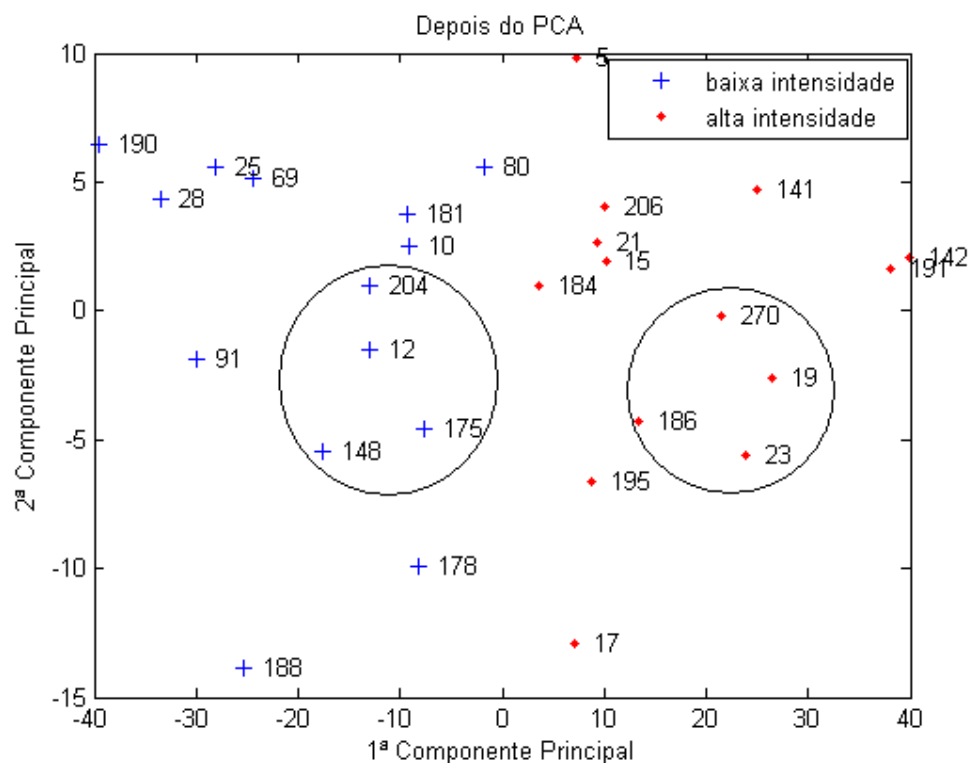


Figura 3.10 Distribuição das imagens após aplicação do PCA, no passo 4 (Wirtti e Salles, 2012).

Capítulo 4: Função de Gradiente Acumulado

O presente capítulo propõe o tratamento da estrutura E , formada por N lâminas L_{i+1} , $i = 0, \dots, N - 1$, que contém características de intensidade evidenciadas extraídas automaticamente por RNA e transformada wavelet (seção 3.2.1). O tratamento das lâminas proposto utiliza o conceito de gradiente com o objetivo de analisar a variação de intensidade de regiões de alta intensidade em lâminas subsequentes, verificando se há convergência para um determinado ponto ou região. Neste caso, as regiões de alta intensidade analisadas podem corresponder a uma massa. Através da análise das lâminas é possível também detectar o tecido do músculo peitoral.

4.1 Projeto da Função de Gradiente Acumulado

O processo de extração de características pela RNA resulta em $N = 25$ lâminas com as características de intensidade evidenciadas. Sobre cada uma delas, um filtro de gradiente acumulado é aplicado. Constatou-se que a aplicação do filtro de gradiente tende a evidenciar possíveis massas em cada lâmina. Posteriormente as lâminas processadas pela função de gradiente acumulado (FGA) (Wirtti & Salles, 2012) são submetidas a um processamento heurístico que analisa os achados em lâminas subsequentes, classificando-os como massas ou outro tecido.

A avaliação de gradiente ou informação de transição entre regiões da mamografia vem sendo utilizada há muitos anos para detectar massa em mamografia digitalizada e, em alguns casos, verificar sua benignidade ou malignidade (Kok, et al., 1994), (Huo, et al., 1995), (Kupinski & Giger, 1998), (Guliato, et al., 2003). Domínguez e Nandi (2008) usam, entre outras características, a média do gradiente dentro da região de interesse e a média do gradiente na borda da região de interesse como parâmetros para classificar uma região como potencial massa.

A utilização do gradiente para a segmentação de massas em mamografias é natural, pois tais lesões apresentam, geralmente, um comportamento de crescimento (ou decrescimento) de intensidade da sua região central para a borda (Rangayyan, 2005). A motivação para utilizar gradiente neste trabalho é estudar o comportamento dos achados para cada lâmina (ou seja, em quais direções crescem ou decrescem), e verificar se tais achados

podem ou não representar massas. Em essência, a função de gradiente acumulado possibilita avaliar (acumular) a contribuição (sentido de atuação) do gradiente de cada porção da possível massa. A definição da FGA é apresentada a seguir, sendo sua obtenção realizada em 4 etapas.

4.1.1 Redução da Resolução das Lâminas para Aplicação da FGA

A primeira etapa do processo é a redução da resolução das lâminas (Figura 4.1(a) e (b)). Nesta etapa, cada lâmina L de dimensões $m \times n$ é subdividida em quadriculas $d \times d$. A média de intensidade de cada quadricula $d \times d$ é obtida e armazenada em uma nova matriz, L_R (lâmina reduzida), de dimensões $\text{round}(m/d - 1) \times \text{round}(n/d - 1)$, onde o operador $\text{round}(\bullet)$ representa o arredondamento (para o inteiro mais próximo). O processamento subsequente (cálculo do gradiente) é realizado sobre L_R . Essa abordagem diminui o custo computacional da aplicação do filtro de gradiente acumulado. Deve-se escolher um valor para d que seja suficientemente bom para diminuir o custo computacional, mas sem comprometer o resultado. Foram testados diferentes valores de d . O valor adequado obtido experimentalmente foi $d = 8$.

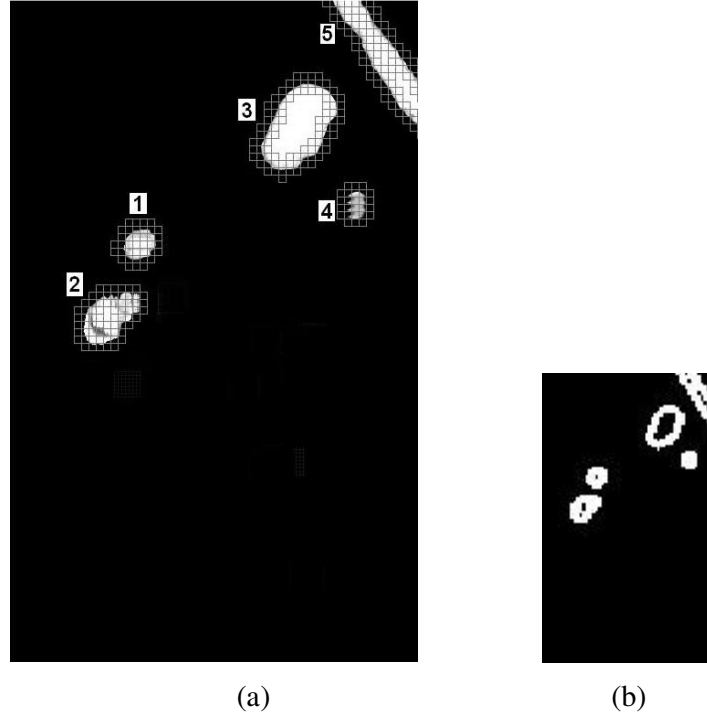


Figura 4.1 (a) Lâmina L_{23} com quadriculas $d \times d$ (8×8), obtida da imagem mdb015, base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994). (b) Lâmina reduzida, L_R .

4.1.2 Cálculo do Gradiente dos Elementos da Lâmina

Na segunda etapa, realiza-se o cálculo do gradiente sobre cada lâmina reduzida L_R (Figura 4.2), que mostra o elemento 1 da Figura 4.1). Seja $F(x, y)$ uma função real para $(x, y) \in R^2$. Então, o gradiente de $F(x, y)$ é dado por

$$\bar{G}(F(x, y)) = \nabla F = \frac{\partial F(x, y)}{\partial x} \times \bar{i} + \frac{\partial F(x, y)}{\partial y} \times \bar{j}, \quad (4.1)$$

onde \bar{i} e \bar{j} são, respectivamente, os vetores unitários nas direções dos eixos x e y do sistema cartesiano. Seja $f(x, y)$ uma função discreta de domínio $x=1, 2, 3, \dots, n$ e $y=1, 2, 3, \dots, m$ de imagem $f \in [0 \ 1]$. O gradiente discreto da função f é dado por

$$\bar{g}(f(x, y)) = \{f(x+1, y) - f(x, y)\} \times \bar{i} + \{f(x, y+1) - f(x, y)\} \times \bar{j}. \quad (4.2)$$

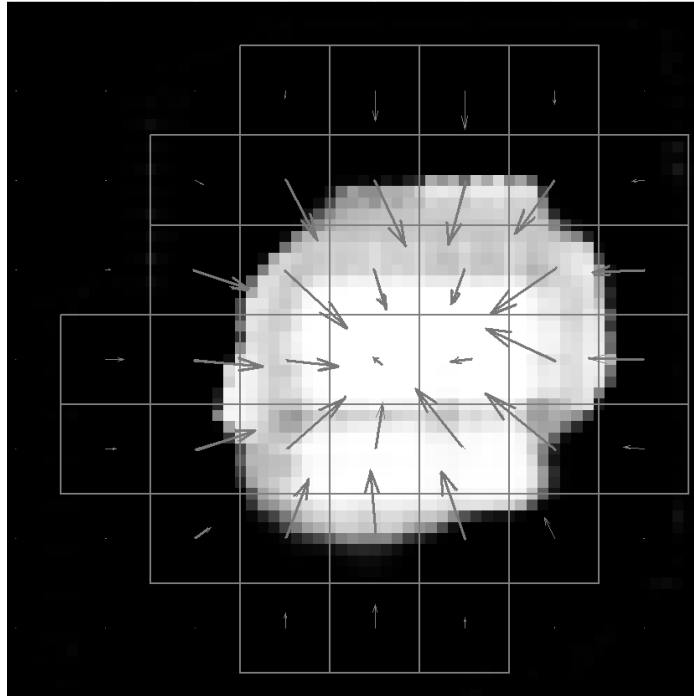


Figura 4.2 Representação gráfica dos vetores gradiente, calculados sobre L_R , exibidos sobre uma porção da lâmina L .

4.1.3 Obtenção dos Segmentos de Reta sobre os Vetores Gradiente

Na terceira etapa são obtidos os segmentos de reta que representam os vetores gradiente (Figura 4.3). Assim, são necessárias algumas definições. Seja:

- D um conjunto de pares ordenados (x, y) que representam um conjunto de quadrículas de intensidade média diferente de zero na lâmina L_R ;
- $I(x, y)$ a função intensidade do conjunto D ;
- (a, b) um par ordenado pertencente a D ;
- r o segmento de reta discreto, obtido pelo emprego do algoritmo *MLA* (*Midpoint Line Algorithm*) (Foley, et al., 1996), com início em (a, b) , orientação $\bar{g}(f(a, b))$ e tamanho t ;
- S o conjunto de pares ordenados de r ;

Assim, tem-se $I(S)$ como o conjunto de todas as intensidades do segmento r .

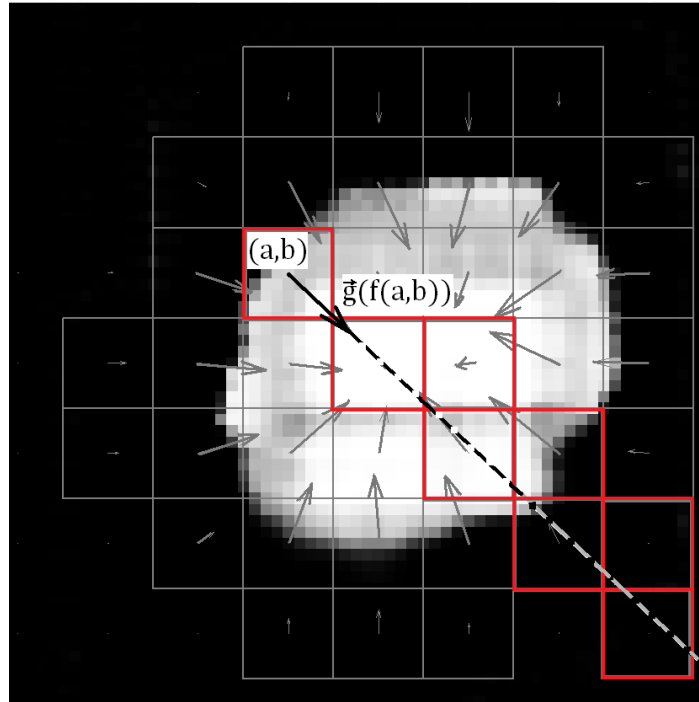


Figura 4.3 O conjunto D (quadrículas em cinza) e um segmento r_k , com início em (a, b) , orientação $\bar{g}(f(a, b))$ e tamanho t .

4.1.4 Cálculo da FGA

Na quarta etapa calculam-se as FGA's (Figura 4.4). Para tal, define-se o operador gradiente direcional, OGD, como o operador que copia $I(S)$ para $h(S)$, ou seja,

$$h(S) \leftarrow \frac{OGD}{l(S)}, \quad (4.3)$$

onde $h(S)$ é uma nova estrutura resultante da aplicação de OGD sobre $l(S)$.

Se $M = \{S_1, S_2, \dots, S_k, \dots, S_n\}$ representa o conjunto de todos os conjuntos de pares ordenados, S_k , obtidos pelo processamento de cada segmento r_k , então pode-se definir a FGA (função gradiente acumulado), sobre o conjunto D , como

$$FGA(D) = \sum_{k=1}^n (h(S_k) \leftarrow \frac{OGD}{l(S_k)}), \quad (4.4)$$

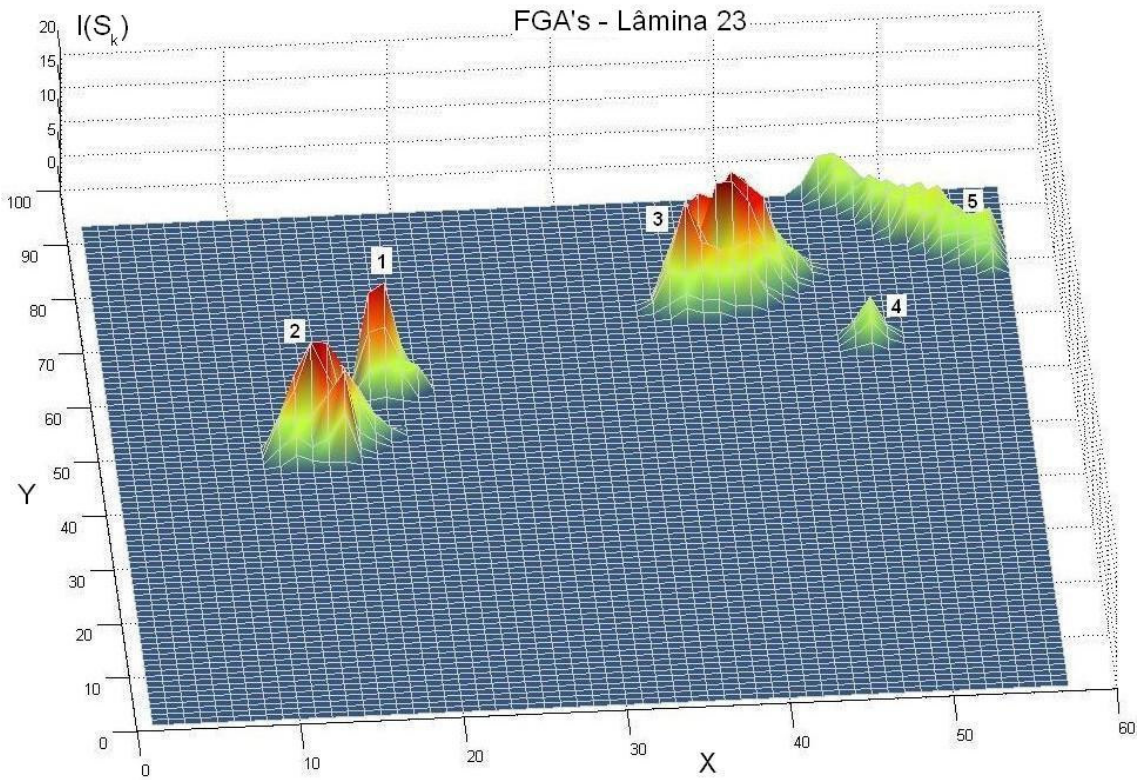


Figura 4.4 FGA's calculadas para a lâmina 23 da imagem mdb015 da base mini-MIAS (Suckling, et al., 1994).

4.2 Processamento de Regiões com a Função de Gradiente Acumulado

Neste tópico são mencionadas duas estratégias utilizadas para classificar em cada lâmina as FGA's que podem representar massas. A primeira consiste em aplicar a cada FGA o

Teste de Hipótese de Pearson; a segunda consiste em aplicar um tratamento heurístico à FGA, com base em suas características gerais. É importante ressaltar que as FGA's selecionadas pela abordagem deste tópico ainda não podem ser rotuladas como massas. Para isso, as lâminas que contém as FGA's selecionadas aqui devem passar por mais uma etapa (heurística), descrita no Capítulo 5. Para cumprir o objetivo desta seção (classificar em cada lâmina FGA's que podem ser massas), duas abordagens são sugeridas.

4.2.1 Análise das FGA's em Busca de Massas em Potencial por Teste de Hipótese

A primeira abordagem utilizada para analisar cada FGA em busca de potenciais massas é partir da premissa (intuitiva, fruto de observações visuais) segundo a qual a FGA que representa uma massa tende a se parecer com uma função gaussiana bivariada, ou uma função aproximadamente unimodal. Essa ideia (intuitiva) se fundamenta no fato de a FGA ser, para cada quadrícula, uma soma de intensidades (da lâmina L) moldadas pelos gradientes (representados pelo segmento r definido na seção 4.1.3) cuja direção intercepta a referida quadrícula. Ou seja, quanto mais segmentos r interceptarem uma quadrícula, maior será o valor da FGA naquela quadrícula.

A suposta semelhança entre a FGA que representa uma massa em potencial e uma gaussiana bivariada pode ser avaliada por alguma ferramenta matemática apropriada. Essa ferramenta é o teste de hipótese. O teste de hipótese avalia o quanto os dados se aproximam do modelo suposto, no caso uma distribuição gaussiana bivariada. Nesse trabalho propôs-se a utilização do Teste Chi-quadrado de Pearson (Leon-Garcia, 2007). A hipótese nula implica que a FGA é uma função gaussiana bivariada; a alternativa é que nada se pode afirmar sobre a FGA. O Teste Chi-quadrado mede a diferença ponderada entre os valores observados, no caso a FGA, e os valores esperados, no caso a função gaussiana. O teste é matematicamente definido como

$$Q^2 = \sum_{k=1}^K \frac{(FGA_k(x, y) - V_k(x, y))^2}{V_k(x, y)}, \quad (4.5)$$

onde $k=1,2,3,\dots,K$ é o índice de todos os elementos da FGA, $V_k(x, y)$ é o valor esperado para cada valor de k , $FGA_k(x, y)$ é o valor real da FGA para cada valor de k e Q^2 é o valor da variável aleatória chi-quadrado. Se $Q^2 \leq t_\alpha$, onde t_α é um limiar determinado pela

significância do teste, então a hipótese nula é confirmada, ou seja, há semelhança entre a FGA e uma função gaussiana unimodal.

O Teste Chi-quadrado de Pearson foi aplicado a várias FGA's. O procedimento consiste em calcular Q^2 (eq. (4.5)) e comparar com o limiar t_α para um nível de significância de 5% (Leon-Garcia, 2007). Vale ressaltar que o grau de liberdade, necessário à obtenção de t_α , depende de cada FGA. Em todos os testes observou-se que não há semelhança entre a FGA e uma distribuição gaussiana.

Há dois problemas na aplicação do teste: (1) o teste Chi-quadrado de Pearson só se aplica a dados descorrelacionados, o que não é o caso da FGA; (2) observações experimentais mostraram que a FGA que representa a massa pode ser multimodal (mais de um máximo local). Um exemplo de FGA multimodal que pode representar uma massa é mostrado Figura 4.4, FGA 3.

Outros testes de hipótese devem ser testados. No presente trabalho, entretanto, optou-se pela utilização de um critério de seleção heurístico, mas de caráter genérico, para a seleção de FGA's que podem representar massas. Esse critério é mostrado a seguir.

4.2.2 Análise das FGA's em Busca de Massas em Potencial por Critério Heurístico

Conforme discussão na seção anterior, nesta seção propõe-se uma nova abordagem para a análise da FGA. A observação experimental de várias FGA's mostrou que quanto menor o número de máximos locais acima da média (dos elementos da FGA), maior é a probabilidade de a FGA representar uma massa. Para chegar a esta conclusão, realizou-se o seguinte teste: submeteu-se o conjunto de mamografias ao algoritmo de detecção de massas, que consiste nas etapas detalhadamente descritas nos capítulos 2, 3 e 4 (até a unidade 4.2.1), além da etapa de classificação heurística (que será detalhada no capítulo 5), classificando a FGA como potencial massa se esta possui número de máximos locais acima da média (mc) menor que um valor mx , onde $mx=1, \dots, K$.

O objetivo da abordagem empírica é definir um valor de mx o mais genérico possível para o conjunto de teste utilizado. Para determinar o parâmetro de mx utilizou-se o método da curva *ROC* (*receiver operation curve* ou curva de resposta do receptor) (Fawcett, 2006), que consiste em traçar um gráfico que possibilita visualizar a relação entre o *TPR* (eq. (4.6)) e *FPR* (eq. (4.7)), medindo desta forma o desempenho do classificador de massas para o parâmetro de mx .

$$TPR = \frac{\text{positivos corretamente classificados (VP)}}{\text{total positivos}} \quad (4.6)$$

$$FPR = \frac{\text{negativos incorretamente classificados (FP)}}{\text{total negativos}} \quad (4.7)$$

Realizou-se experimento sobre 29 imagens da base de imagens, com dois conjuntos de treinamento separados por densidade média mais duas vezes o desvio padrão (subseção 3.2.3), subdivididas em 25 lâminas por imagem (subseção 3.2.1), com extração de características por wavelet com quadrículas de 32×32 (seção 3.1), com cálculo das FGA's conforme seção 4.1 e a heurística que será apresentada no capítulo 5. Obteve-se o resultado da Tabela 4.1.

Tabela 4.1 Relação (em %) entre quantidade de máximos, *TPR* e *FPR*.

<i>mx</i>	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>
1	25.00	6.70
2	25.00	7,65
3	41.67	13.94
4	58.82	15.21
5	75.00	23.91
6	77.78	30.18
7	76.92	37.27
10	77.17	38.79

A curva *ROC* da Figura 4.5 é construída a partir dos parâmetros *TPR* e *FPR* da Tabela 4.1, obtidos, respectivamente, pela eqs. (4.6) e (4.7). Para calcular os parâmetros *FPR* e *TPR*, através das eqs. (4.6) e (4.7), é necessário montar a matriz de confusão, mostrada na Tabela 4.2. A matriz de confusão relaciona classes verdadeiras (realmente positivas ou negativas) com as classes hipotéticas (classificadas por um classificador que se pretende avaliar) (Fawcet, 2006). Assim, se um elemento da base é realmente positivo (p) e é classificado pelo método de classificação como positivo, então ocorreu um caso de classificação verdadeiro-positiva (VP). Se o elemento é realmente positivo, mas o método de classificação resultou em uma classificação negativa, então ocorreu um caso de classificação falso-negativa (FN). Analogamente, se o elemento da base é realmente negativo (n) e é classificado pelo método de classificação como positivo, então ocorreu um caso de classificação falso-positiva (FP). Finalmente, se o elemento da base é realmente negativo (n) e é classificado pelo método de

classificação como negativo, então ocorreu um caso de classificação verdadeiro-negativa (VN).

Os resultados da Tabela 4.1 foram postos na forma de curva ROC e apresentados na Figura 4.5. Os testes para os valores $mx = 8$ e $mx = 9$ foram omitidos, pois se aproximam muito dos valores de mx para 7 e 10 máximos. O resultado apresentado graficamente permite concluir que o ponto com rótulo 5 (que leva em conta FGA's com no máximo 5 picos acima da média) é o que produz o melhor resultado, pois apresenta a menor distância em relação ao ponto de classificação perfeita, o par (0, 100) (Fawcett, 2006).

Tabela 4.2 Matriz de confusão. Notação: p é a classe positiva real; n é a classe negativa real; Y corresponde aos elementos classificados como positivos e N corresponde aos elementos classificados como negativos.

Classes hipotéticas	Classes verdadeiras		
		p	n
	Y	VP	FP
	N	FN	VN
	Total	Total positivos	Total negativos

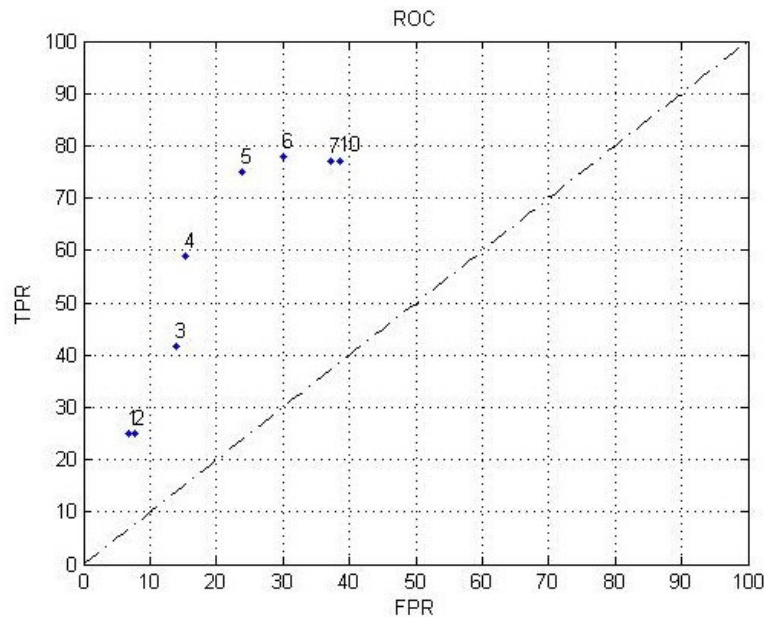


Figura 4.5 Curva ROC para avaliar o parâmetro mx (máximos locais acima da média).

Capítulo 5: Classificação Heurística

No capítulo anterior foi apresentada a técnica de obtenção da FGA. Além disso, foi apresentado um método heurístico (subseção 4.2.2) para selecionar em cada lâmina as FGA's que possuem maior potencial para representar massas. Vale ressaltar que a FGA é uma distribuição bivariada e normalmente multimodal. É importante destacar ainda que no estudo realizado na seção 4.2.2 observou-se que as FGA's que mais contribuem para a detecção de possíveis massas são aquelas que apresentam de um a cinco picos acima da média (ou cinco modas). Mesmo considerando esta condição excepcional, os resultados obtidos analisando-se as FGA's de uma única lâmina podem ser bastante inconsistentes, pois muitas variações de densidade da mamografia (intensidade na imagem digital) se manifestam apenas em uma lâmina, causando a ocorrência de muitos falsos positivos. Vale ressaltar que há casos de verdadeiro positivo que se manifestam apenas em uma lâmina. Uma abordagem mais promissora para a detecção de massas seria, então, observar as lâminas resultantes do processamento da subseção 4.2.2 em sequência, buscando por FGA's que coincidam (por algum critério simples) de uma lâmina para outra. É neste sentido que se propõe o classificador heurístico descrito a seguir.

5.1 Projeto do Classificador Heurístico

O projeto do classificador heurístico está dividido em duas tarefas principais:

- detectar FGA's que representem tecido muscular e eliminá-las;
- observar as FGA's em lâminas subsequentes a fim de buscar através, de um critério simples, a coincidência entre estas FGA's, identificando-as, caso haja a coincidência, como possíveis massas e refutando aquelas FGA's que não se relacionam com outras FGA's (de lâminas anteriores ou posteriores) de acordo com o critério estabelecido.

5.1.1 Eliminação do Tecido Muscular da Mama

Como abordado na seção 1.3, o tecido muscular se manifesta nas mamografias do tipo MLO (médio-lateral oblíqua), aparecendo na mamografia digitalizada como uma região alongada e de alta intensidade.

No capítulo 3, quando se discute a implementação do extrator de características, é premissa que o levantamento das características se baseie fortemente na intensidade dos pixels em torno das regiões estudadas. Como o tecido muscular apresenta alta intensidade, ele é, inevitavelmente, considerado pelo extrator como uma região que deve ser processada nas etapas seguintes, gerando no final do processo uma classificação com resultados elevados de falsos positivos. Em outras palavras: é necessário explorar outras características peculiares ao tecido muscular. Como pode ser observado na Figura 1.5(b) o tecido muscular apresenta-se no canto superior direito da mamografia MLO-D e no canto superior esquerdo da mamografia MLO-E e se notabiliza, em ambos os casos, por ter formato especialmente alongado. A geometria alongada do tecido muscular peitoral pode, como será mostrado a seguir, ser utilizada para a sua detecção e eliminação.

Entretanto, antes de apresentar esta ideia, fazem-se necessárias algumas definições.

Seja:

- F_r , de dimensões $m \times 2$, a estrutura que contém todas as ocorrências de cada par ordenado $(x, y) \in S_k \in M$, contribuindo para a formação da FGA na eq. (4.4). Logo, m tem magnitude igual à somatória dos tamanhos de todos os espaços S_k que compõem o conjunto M . Para efeito de simplificação de linguagem, F_r é uma tabela contendo todos os pares ordenados da FGA e a quantidade de vezes em que cada par aparece na tabela se reflete na amplitude da FGA naquela coordenada.
- X , de dimensões $m \times 1$, a primeira coluna de F_r , uma variável aleatória do processo de geração da FGA, com média m_1 e desvio padrão σ_1 ;
- Y , de dimensão $m \times 1$, a segunda coluna de F_r , uma variável aleatória do processo de geração da FGA, com média m_2 e desvio padrão σ_2 ;
- $\rho_{X,Y}$, o coeficiente de correlação de F_r , dado por

$$\rho_{X,Y} = \frac{\text{cov}(X,Y)}{\sigma_1 \sigma_2}, \quad (5.1)$$

onde $\text{cov}(X,Y)$ é a covariância entre X e Y . Embora F_r seja uma distribuição de forma indefinida (vide Figura 4.4, FGA nº 5), é possível conhecer a sua orientação e relação entre as

suas dimensões no espaço R^2 , supondo que ela seja uma distribuição gaussiana conjunta das variáveis aleatórias X e Y . Sua descrição matemática tem a forma (Leon-Garcia, 2007)

$$G_{X,Y}(x,y) = \frac{\exp\left\{\frac{k_1^2 - 2 \cdot \rho_{X,Y} \cdot k_1 \cdot k_2 + k_2^2}{2 \cdot \pi \cdot \rho_{X,Y}^2}\right\}}{2 \cdot \pi \cdot \sigma_1 \cdot \sigma_2 \cdot \sqrt{1 - \rho_{X,Y}^2}}, \quad (5.2)$$

onde $k_1 = \left(\frac{x - m_1}{\sigma_1}\right)$, $k_2 = \left(\frac{y - m_2}{\sigma_2}\right)$, $-\infty < x < \infty$ e $-\infty < y < \infty$.

A $G_{X,Y}(x,y)$ é centrada em (m_1, m_2) , possuindo formato de sino, que depende dos valores σ_1 e σ_2 . A Figura 5.1 mostra a função $G_{X,Y}(x,y)$ (eq. (5.2)) para a estrutura F_r da Figura 4.2. As setas indicam os autovetores da matriz de coeficientes de correlação, $\rho_{X,Y}$. Uma característica importante da $G_{X,Y}(x,y)$ é que ela é constante para os pares (x,y) para os quais o argumento do expoente é constante. Os pares (x,y) que obedecem a essa regra (eq. (5.3), (Leon-Garcia, 2007)), formam elipses concêntricas em torno de (m_1, m_2) .

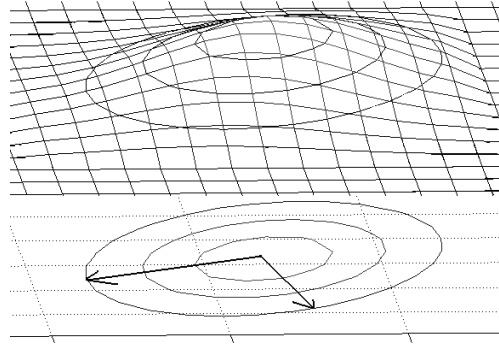


Figura 5.1 O gráfico de $G_{X,Y}(x,y)$ para uma estrutura F_r obtida no Matlab®.

$$\frac{k_1^2 - 2 \cdot \rho_{X,Y} \cdot k_1 \cdot k_2 + k_2^2}{2 \cdot \pi \cdot \rho_{X,Y}^2} = cte. \quad (5.3)$$

Sejam λ_i e ν_i , $i = 1, 2$, respectivamente, os autovalores e autovetores de $\rho_{X,Y}$. Então as elipsoides representadas pela eq. (5.3) possuem eixos nas direções $\pm cte \sqrt{\lambda_i} \cdot \nu_i$. Ou seja, a orientação dos contornos elípticos (direção dos eixos maior e menor de cada elipse)

corresponde aos autovetores, v_i , de $\rho_{X,Y}$ e o módulo destes autovetores é proporcional aos respectivos autovalores, λ_i , de $\rho_{X,Y}$. Como consequência direta, o formato alongado de uma FGA cujo coeficiente de correlação, $\rho_{X,Y}$, é conhecido pode ser detectado comparando-se os seus autovalores. O resultado da aplicação do processo de eliminação do tecido muscular explicado anteriormente é ilustrado a seguir, na Figura 5.2. A Figura 5.3 exibe as FGA's da lâmina 23 da imagem mdb015 do banco mini-Mias (Suckling, et al., 1994), mas excluindo a FGA 5 (vide Figura 4.2), que corresponde ao tecido muscular. Detalhes da eliminação do tecido muscular são descritos na seção seguinte, no passo 2 do algoritmo de classificação das FGA's.

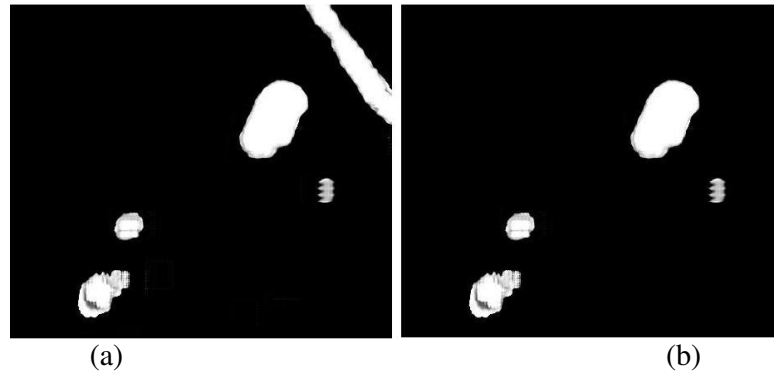


Figura 5.2 (a) Antes de eliminar o tecido muscular. (b) Depois de eliminar o tecido muscular.

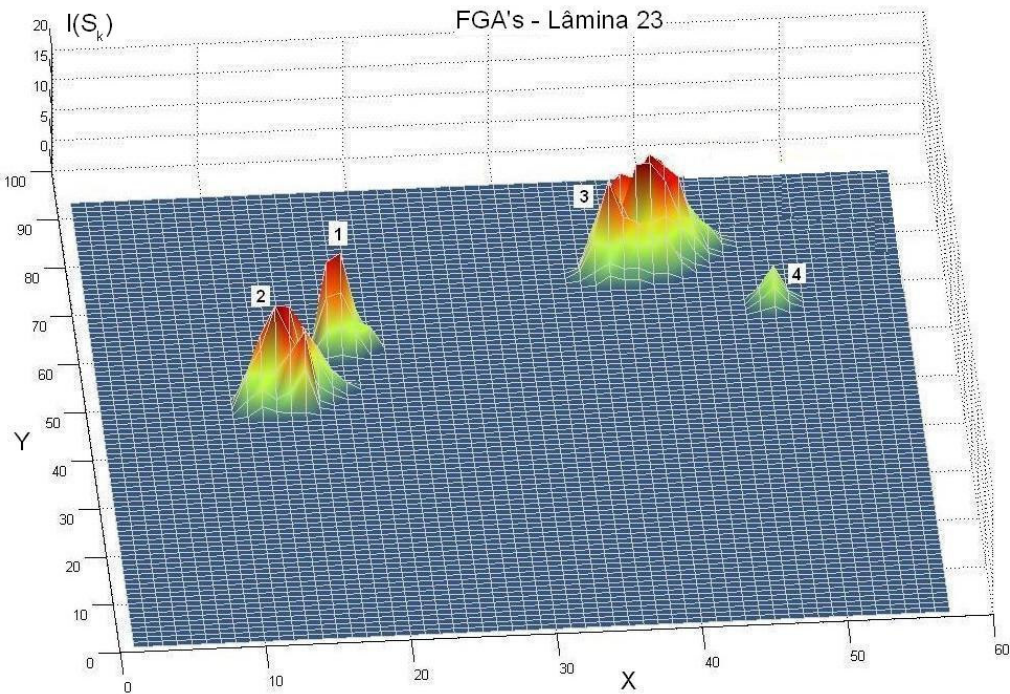


Figura 5.3 Gráfico das FGA's da lâmina 23 da imagem mdb015 após a eliminação do tecido muscular.

5.1.2 Algoritmo de Classificação Heurística das FGA's

Após a obtenção das FGA's para todas as faixas de intensidade da mamografia digitalizada, apresenta-se o algoritmo de detecção das possíveis massas na mamografia. O algoritmo consiste nos passos apresentados a seguir:

- Passo 1: Eliminação das lâminas de 1 a 10 do processamento. A justificativa para a eliminação destas faixas é que, por se tratarem das faixas iniciais (de baixa intensidade), estas são adequadas para a detecção dos contornos da mama, e raramente contêm informação relacionada a massas (Rangayyan, et al., 2000). Neste trabalho, especificamente, não foi encontrada qualquer massa nas faixas de intensidade correspondentes às lâminas de 1 a 10. Portanto, adotou-se, na prática, como padrão o descarte das mesmas desde o início do processamento (extração de características).
- Passo 2: Eliminar as estruturas correspondentes às FGA's cujos autovalores de $\rho_{x,y}$, eq. (5.1), (5.2) e (5.3), apresentem diferença superior a quatro vezes, um em relação ao outro. Essas estruturas alongadas e de alta densidade são, na maioria das vezes, tecido muscular, que aparece no canto superior direito ou esquerdo de mamografias MLO, como mencionado nas subseções 1.3.1 e 5.1.1.
- Passo 3: Excluir todas as estruturas correspondentes às FGA's que apresentem mais de cinco máximos locais acima de sua média, conforme discutido na seção 4.2.2. Essa abordagem se justifica pela observação experimental segundo a qual as FGA's que apresentam poucos máximos locais tendem a representar massas mais frequentemente do que as FGA's que possuem muitos máximos locais. Por sua vez, as FGA's que apresentam muitos máximos locais tendem a representar tecido glandular (quando a região correspondente na imagem apresenta alta intensidade) e tecido conjuntivo (quando a região correspondente na imagem apresenta baixa intensidade).
- Passo 4: Para todas as FGA's que permaneceram, definir caixas de contorno. As caixas são obtidas encontrando-se os mínimos e máximos entre as ordenadas e abscissas da estrutura F_r . As caixas de contorno servirão para definir, com baixo custo computacional, se há interseção entre as FGA's de faixas subsequentes.
- Passo 5: Para cada caixa de contorno (representando uma FGA) de uma lâmina, procurar nas lâminas subsequentes se há interseção entre as caixas cuja área seja igual ou superior a 50%. Essas interseções subsequentes são denominadas coincidências. Define-se como H_n

a FGA que apresenta coincidência com outras FGA's em n lâminas subsequentes. Por exemplo, se uma FGA é classificada como H_0 , então ela não apresenta coincidências com outras FGA's; se uma FGA é classificada como H_1 , então ela apresenta coincidência com a FGA da lâmina subsequente; se uma FGA é classificada como H_2 , então ela apresenta coincidência com FGA's de duas lâminas subsequentes; e assim por diante.

- Passo 6: Todas as coincidências $H_n, n=1, 2, 3, \dots, k$, são armazenadas em uma estrutura e contabilizadas da seguinte forma:
 - se só há FGA's do tipo H_0 , então todas as FGA's são rejeitadas como massas, ou seja, o teste é inconclusivo;
 - se há, no máximo, FGA's do tipo H_1 , então apenas essas FGA's representam massas;
 - se há, no máximo, FGA's do tipo H_2 , então apenas essas FGA's representam massas;
 - se há, no máximo, FGA's do tipo $H_n, 3 \leq n \leq k$, então todas as FGA's neste conjunto (de H_3 a H_k) representam massas;

5.2 Processamento de Regiões pelo Classificador Heurístico

Os objetivos desta seção são: a) mostrar como o classificador heurístico funciona na prática através de exemplos e b) explicar como é feita a contabilidade dos TPR e FPR para gerar a curva ROC.

5.2.1 Contabilidade da Classificação

Após a etapa de obtenção das FGA's para cada lâmina, correspondente à terceira etapa da Figura 1.7, resta a última etapa, a classificação heurística (descrita na seção 5.1.2). Após a execução do classificador para todas as imagens do conjunto de teste, obtém-se a Tabela 5.1. Esta tabela contém, na sua primeira coluna, as imagens processadas. Neste caso, especificamente, todas as imagens são da base mini-Mias (Suckling, et al., 1994). A segunda coluna apresenta os valores verdadeiro-positivos, VP; a terceira coluna apresenta os valores falso-positivos, FP; a quarta coluna apresenta os valores verdadeiro-negativos, VN; e a quinta coluna apresenta os valores falso negativos. Vale ressaltar que as imagens mdb148 e mdb270 foram utilizadas como base de treinamento, portanto não foram classificadas. É importante

lembrar também que as imagens de treinamento foram escolhidas usando o método detalhado na seção 3.2.3.

Tabela 5.1 Classificação dos achados no conjunto de imagens.

<i>Imagens</i>	<i>VP</i>	<i>FP</i>	<i>VN</i>	<i>FN</i>
mdb005	1	2	6	0
mdb005	1	2	6	0
mdb010	1	5	0	0
mdb012	1	1	2	0
mdb015	1	4	9	0
mdb017	0	1	6	0
mdb019	0	2	13	1
mdb021	1	0	9	0
mdb023	1	1	9	0
mdb025	1	2	6	0
mdb028	1	2	3	0
mdb069	1	0	7	0
mdb080	1	2	6	0
mdb091	0	0	7	1
mdb132	1	0	11	0
mdb132	0	0	11	1
mdb141	1	7	0	0
mdb142	1	1	15	0
mdb148	-	-	-	-
mdb175	1	4	0	0
mdb178	1	1	0	0
mdb181	1	2	3	0
mdb184	0	2	14	1
mdb186	1	5	0	0
mdb188	0	1	1	1
mdb190	1	3	5	0
mdb191	0	0	4	1
mdb195	0	1	10	1
mdb204	1	2	4	0
mdb206	1	0	10	0
mdb270	-	-	-	-

Para a Tabela 5.1, o cálculo das taxas de verdadeiro positivo (*TPR*) e verdadeiro negativo (*FPR*) são realizados a partir da Tabela 5.2.

Tabela 5.2 Matriz de confusão.

		Classes verdadeiras	
Classes hipotéticas		p	n
	Y	21	53
	N	7	169
	Total	28	222

Para a matriz de confusão apresentada na Tabela 5.2, o valor TPR é de 75 % e o valor de FPR é de 23,87 %. A TPR é também conhecida como “sensibilidade” do teste. Fawcett (2005) define ainda “especificidade”, eq. (5.6), e “acurácia”, eq. (5.7), como sendo

$$especificidade = \frac{VN}{FP + VN}, \quad (5.6)$$

$$acurácia = \frac{VP + VN}{total_positivo + total_negativo}. \quad (5.7)$$

Para a matriz de confusão apresentada na Tabela 5.2, o valor de especificidade é de 76,12 % (complementar ao FPR) e o valor de acurácia é de 76 %. Os valores TPR e FPR aqui calculados são representados na curva ROC, da Figura 4.5 (ponto 5).

Para entender melhor a contabilidade da classificação, serão mostrados a seguir três exemplos. O primeiro é o exemplo da classificação da imagem mdb021, no qual a classificação ocorreu com êxito, com coincidência de ordem máxima 1. O segundo exemplo é o da imagem mdb206, no qual a classificação ocorre também com êxito, com coincidências de ordem 3 e rejeição de coincidências de ordem inferior, conforme algoritmo da subseção 5.1.2. O terceiro exemplo, imagem mdb023, mostra a ocorrência de um falso positivo.

5.2.2 Análise da Imagem mdb021

A Figura 5.4(a) ilustra a localização de todas as caixas de contorno das FGA's que podem representar massas, de acordo com o critério $m_x \leq 5$ (estabelecido na seção 4.2.2). Para tornar a visualização do resultado mais interessante, ao invés de mostrar as imagens das FGA's (como feito na Figura 5.2) com as caixas de cotorno sobre elas, optou-se por exibir as caixas sobre a imagem original. Os losangos numerados representam a localização do máximo local da FGA e a lâmina na qual ela se encontra. Na Figura 5.4(a), os retângulos marcam as regiões correspondentes às FGA's com potencial para classificação como massas na imagem

mdb021; a circunferência ressalta a única lesão marcada na base mini-Mias. Os losangos numerados marcam os máximos locais das FGA's. Na Figura 5.4(b), os retângulos marcam FGA's de lâminas consecutivas (22 e 23) indicando uma massa em potencial (algoritmo da seção 5.2.1), coincidindo com a classificação de referência.

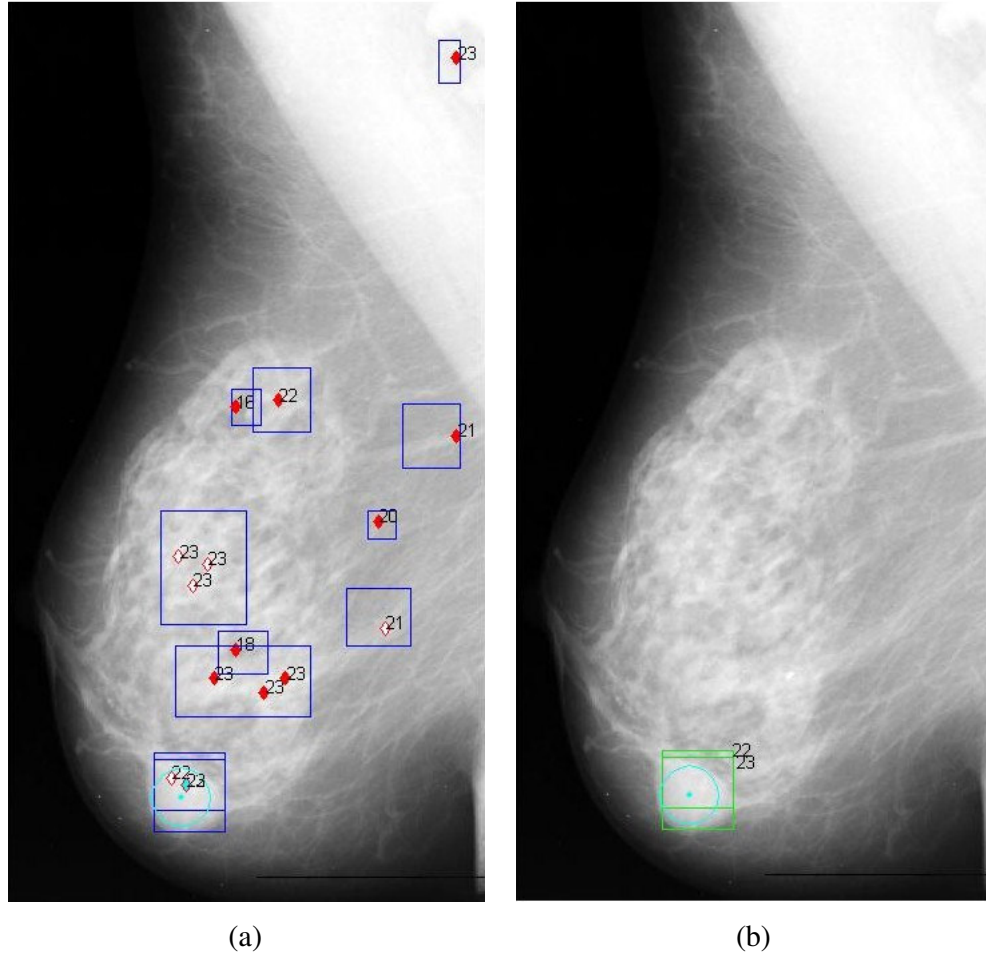


Figura 5.4 (a) Marcações das FGA's (b) Localização de uma coincidência H_1 .

Analisando a Figura 5.4(a) de acordo com algoritmo da subseção 5.2.1, passo 6, as caixas com coincidência H_0 correspondem aos achados verdadeiro-negativos, $VN = 9$ (Tabela 5.1, linha mdb021), pois há pelo menos uma coincidência H_1 . Tal coincidência ocorre nas lâminas 22 e 23 e corresponde à marcação de referência da base mini-Mias. Portanto, representa um achado verdadeiro positivo $VP = 1$, mostrado em destaque na Figura 5.4(b). Observe-se que o achado duplamente marcado (lâminas 22 e 23) satisfaz a segunda condição do passo 6 do algoritmo da subseção 5.1.2. No presente exemplo não há achados falsos positivos ou falsos negativos, portanto $FN = FP = 0$.

5.2.3 Análise da Imagem mdb206

No segundo exemplo é possível observar retângulos marcando as regiões (correspondentes às FGA's) com potencial para classificação como massas, totalizando uma coincidência H_3 , duas H_1 e oito H_0 . De acordo com algoritmo da subseção 5.2.1, a coincidência H_3 resulta em uma classificação positiva, enquanto as demais representam classificações negativas. Na Figura 5.5(a) contam-se VP = 1, VN = 10, FP = 0 e FN = 0, conforme Tabela 5.1. Em destaque, na Figura 5.5(b) a marcação VP (coincidência H_3 envolve as lâminas 20, 21, 22 e 23) e as duas marcações do tipo H_1 , descartadas como VN pelo algoritmo da subseção 5.1.2.

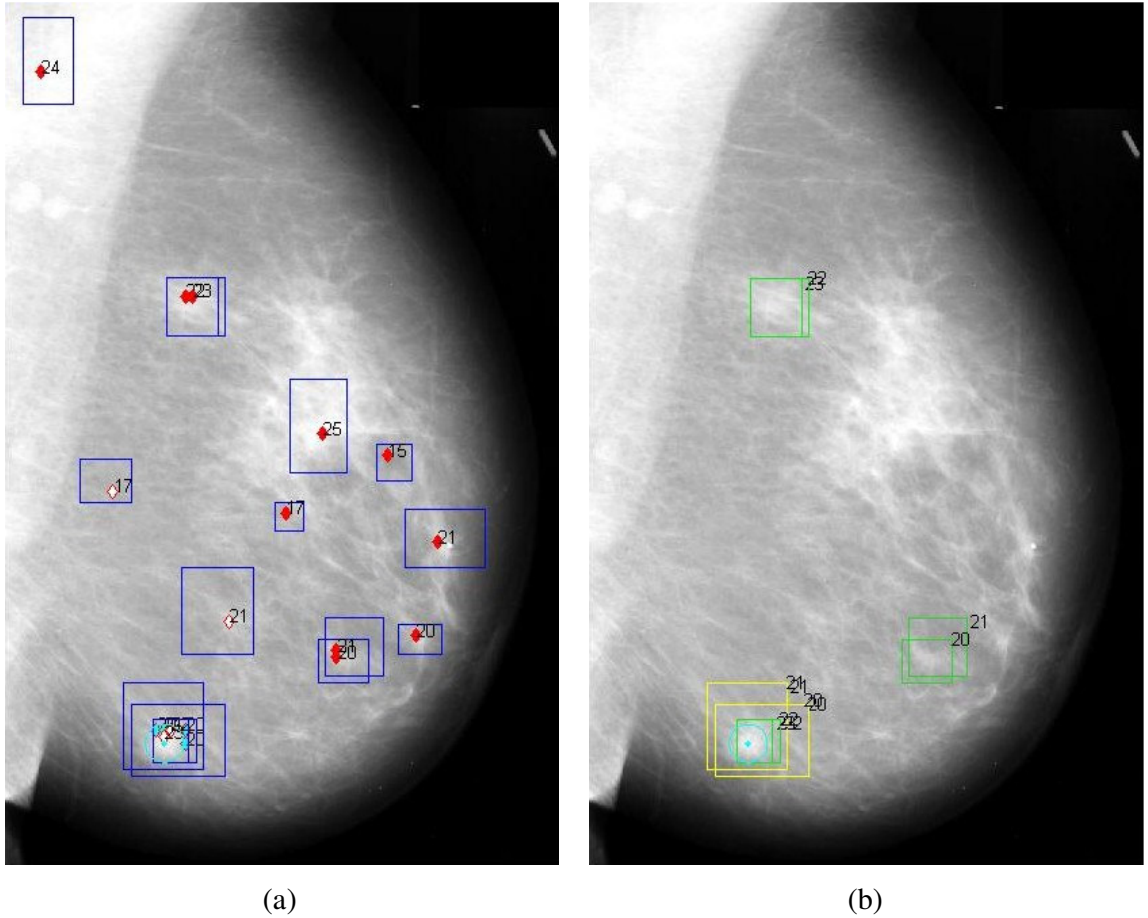
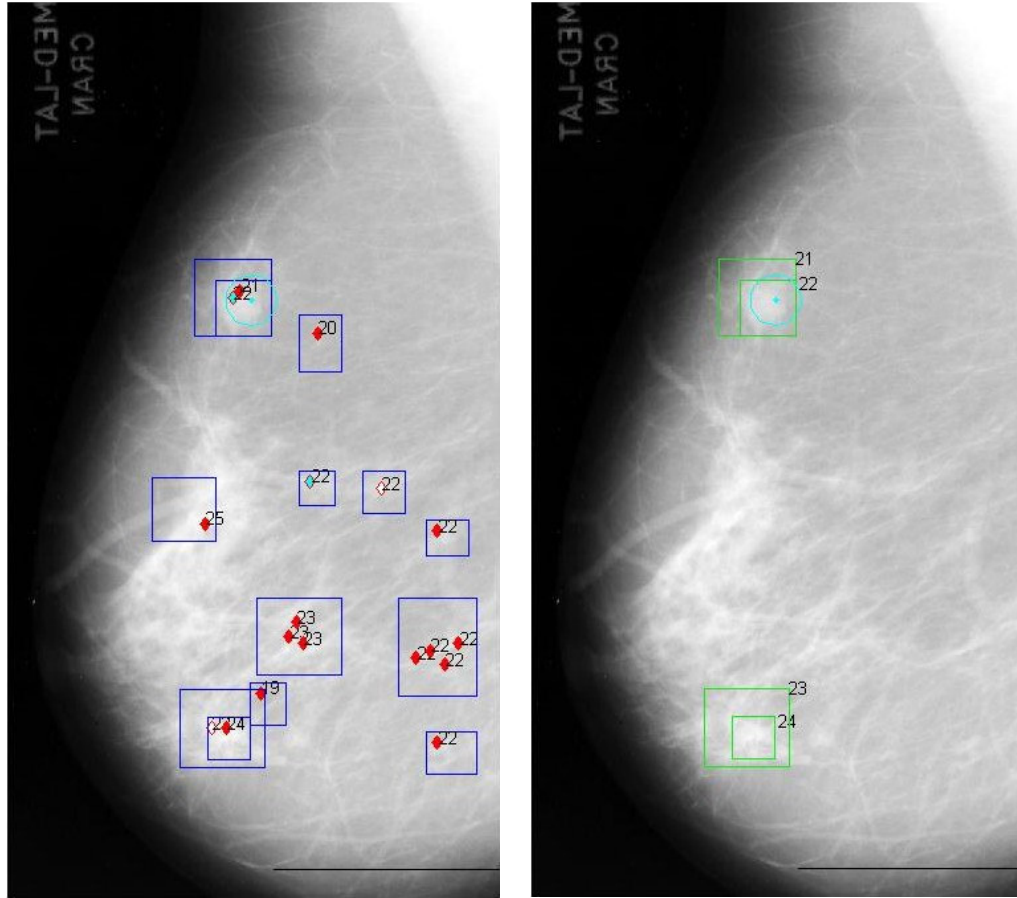


Figura 5.5 (a) Marcações das FGA's (b) Localização de uma coincidência H_3 .

5.2.4 Análise da Imagem mdb023

O terceiro exemplo é importante, pois mostra a captura de um FP. A imagem utilizada é a mdb023, ilustrada na Figura 5.6. Na Figura 5.6(a) contam-se VP = 1, VN = 9, FP = 1 e FN = 0, conforme Tabela 5.1. Em destaque, na Figura 5.6(b) a coincidência H_1 entre as lâminas

21 e 22 correspondendo à marcação VP e outra coincidência, também H_1 , entre as lâminas 23 e 24 representando um achado FP. É importante observar que o algoritmo da subseção 5.1.2 falha ao marcar a coincidência H_1 da parte inferior da Figura 5.6(b) como positiva. Essa limitação do algoritmo se deve ao fato de a detecção de potenciais regiões depender tanto da contribuição dos gradientes de relevantes em cada lâmina, quanto da consecutividade da FGA em mais de uma lâmina.



(a)

(b)

Figura 5.6 (a) Marcações das FGA's (b) Presença de um FP.

5.3 Testes e Resultados

O objetivo desta seção é discutir alguns testes realizados com a metodologia proposta neste trabalho.

5.3.1 Testando o Tamanho das Janelas do Extrator de Características

Na subseção 3.2.2 discutiu-se a influência da dimensão da janela do extrator de características do ponto de vista da relação entre a entrada e a saída da RNA. O fato é que não

existe um tamanho ideal de janela de extração de características de intensidade. No caso específico das mamografias digitalizadas, há diferentes tipos de mamografias, conforme apresentado na subseção 1.3.2 e, dentre estes tipos, ocorre variação de intensidade tanto de forma abrupta (mais próximo ao contorno da mama) quanto de forma mais sutil (na parte central e mais interna da mama). Por isso o trabalho de coleta de características em multiescala é importante. Mas a questão do tamanho da janela permanece. Se for utilizada uma janela muito pequena (8×8), certamente as características maiores que esta escala não serão capturadas pelo processamento; por outro lado, se for utilizada uma janela muito grande (64×64), serão capturados os grandes elementos, mas os detalhes se perderão. A Figura 5.7 mostra os valores *TPR* e *FPR* para janelas de 8×8 , 16×16 , 32×32 com valores de m_x no conjunto $\{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 \text{ e } 10\}$, sendo os pontos da curva ROC gerados de acordo com o procedimento descrito na seção 4.2.2, e armazenados na Tabela 5.3 (melhor resultado em negrito). A janela 64×64 não foi considerada no teste, pois, embora apresente resultado semelhante à janela 32×32 , seu processamento consome mais recursos computacionais e sua utilização resulta na rejeição de uma borda de 32 pixels em torno da imagem processada.

Tabela 5.3 *TPR* \times *FPR* (em %) para janelas de extração de características 8×8 , 16×16 e 32×32 pixels.

<i>mx</i>	8×8		16×16		32×32	
	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>
1	21,74	6,84	25,00	6,70	25,00	6,70
2	22,73	7,57	26,09	7,85	25,50	7,65
3	25,00	7,37	36,00	13,94	41,67	13,94
4	28,57	9,29	50,00	15,38	58,82	15,21
5	34,87	10,27	65,52	20,83	75,00	23,91
6	39,13	14,29	72,41	28,07	77,78	30,18
7	39,13	18,03	70,00	29,94	76,92	37,27
10	39,13	17,58	71,88	38,54	77,17	38,79

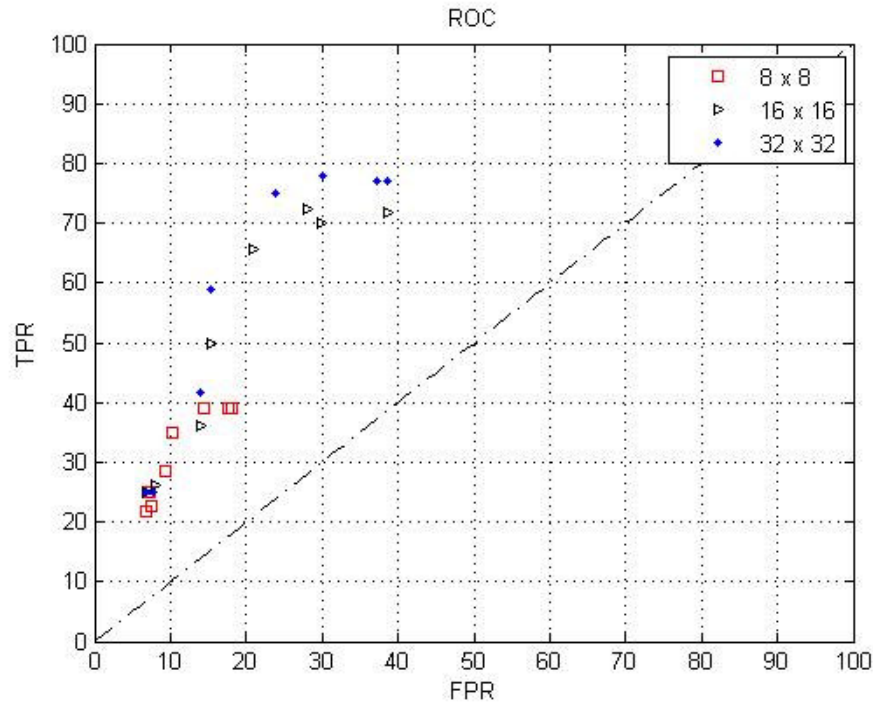


Figura 5.7 Ilustração dos dados $TPR \times FPR$ para janelas de extração de características 8×8 , 16×16 e 32×32 .

Esse teste mostra que, para o conjunto de imagens estudado, o extrator de características funciona melhor se configurado para operar com quadrículas (janelas) 32×32 . Isso ocorre provavelmente porque esse tamanho de quadrícula captura bem as variações em multiescala compatíveis com as massas.

5.3.2 Testando o Critério de Escolha do Conjunto de Treinamento

Outro aspecto importante do método, apresentado na subseção 3.2.3, é a necessidade de se escolher adequadamente as imagens dos conjuntos de treinamento da RNA. Para validar a importância desta escolha, a imagem mdb021 foi selecionada, de forma aleatória, como imagem de treinamento. É importante reforçar que a imagem mdb021 não é uma boa escolha, pois, como estabelecido pelo algoritmo da subseção 3.2.3, a primeira componente principal (obtida via *PCA*) para esta imagem não se aproxima da mediana dos grupos de imagens de baixa ou de alta intensidade média. Outra forma de se ler esta informação é observar que no gráfico da Figura 3.10 o ponto (primeira componente, segunda componente) que representa a imagem mdb021 está fora das circunferências que demarcam as imagens mais adequadas para treinamento (imagens cujas primeiras componentes principais se aproximam da mediana dos conjuntos de alta ou baixa intensidade). A Tabela 5.4 mostra o resultado da classificação do conjunto de imagens tendo como conjunto de treinamento a imagem mdb021 e as imagens

mdb148/270. A Figura 5.8 mostra os valores TPR e FPR para as duas situações com valores de m_x no conjunto $\{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 \text{ e } 10\}$, sendo a curva ROC gerada de acordo com o procedimento descrito na subseção 4.2.2.

Tabela 5.4 $TPR \times FPR$ (em %) para os conjuntos de treinamento mdb021 e mdb148/270.

m_x	mdb021 - (escolha aleatória)		mdb148 e mdb270 - (selecionada por PCA)	
	TPR	FPR	TPR	FPR
1	18,18	4,44	25,00	6,70
2	19,05	6,25	25,50	7,65
3	26,32	8,02	41,67	13,94
4	34,78	16,30	58,82	15,21
5	45,83	28,05	75,00	23,91
6	48,00	34,81	77,78	30,18
7	46,15	36,56	76,92	37,27
10	46,15	34,69	77,17	38,79

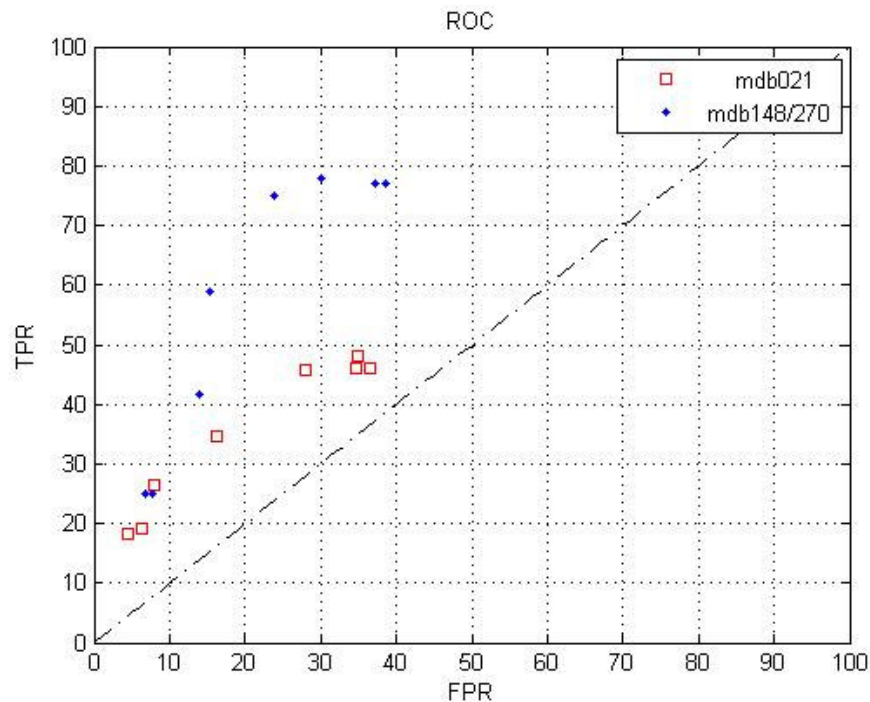


Figura 5.8 Funcionamento do classificador por conjunto de treinamento

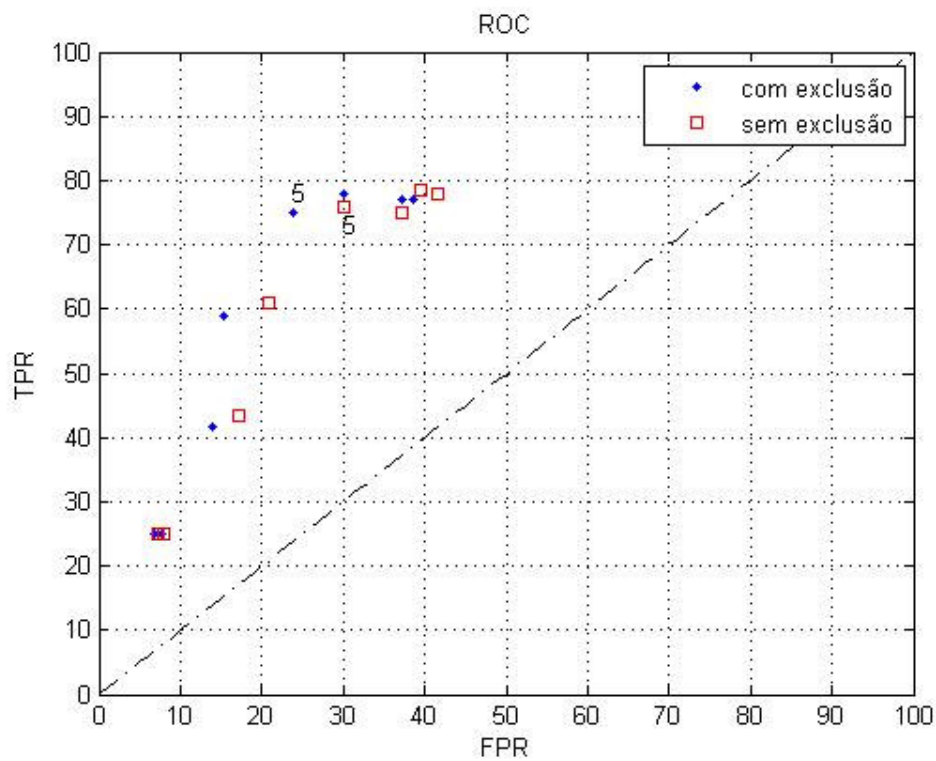
5.3.3 Testando o Método sem a Exclusão do Tecido Muscular Peitoral

O tecido muscular peitoral da mama aparece frequentemente nas mamografias MLO, conforme apresentado na subseção 1.3.1. Como discutido na subseção 5.1.1, o tecido muscular peitoral pode confundir o extrator de características, uma vez que este tecido apresenta muitas vezes intensidade média próxima daquela apresentada pelas massas em potencial. Por isso foi apresentada na subseção 5.1.1 uma proposta de algoritmo que elimina o tecido muscular das mamografias MLO através da comparação dos autovalores λ_i , $i = 1, 2$, de $\rho_{x,y}$ (eq. (5.1)). Para verificar o funcionamento do algoritmo, nesta seção propõe-se um teste comparativo do método proposto para as imagens da Tabela 5.1, ora considerando-se a exclusão do tecido muscular, conforme subseção 5.1.1, ora desconsiderando-a. A Tabela 5.5 mostra o resultado da classificação do conjunto de imagens tendo como conjunto de treinamento a imagem mdb021 e as imagens mdb148/270. A Figura 5.9 mostra os valores TPR e FPR para as duas situações, com valores de m_x no conjunto $\{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 \text{ e } 10\}$, sendo a curva ROC gerada de acordo com o procedimento descrito na subseção 4.2.2.

Vale observar que, de acordo com a Figura 5.9, o melhor desempenho do método sem o algoritmo de exclusão do tecido muscular, rótulo 5 (marcado com um quadrado), com TPR de 75,86 %, é sensivelmente superior quando comparado com o método sem o algoritmo de exclusão do tecido muscular (rótulo 5, marcado com um losango), com TPR de 75,00 %, mas com um alto custo, FPR de 27,24 % para o primeiro caso contra uma FPR de 23,91 % para o segundo caso. Ao analisar a base de imagens (usando como exemplo a Figura 5.10), observa-se que há lesões com perfil alongado, mas que são rejeitadas pelo algoritmo de exclusão de tecido muscular (pois este só leva em conta a relação entre os autovalores λ_i , $i = 1, 2$, de $\rho_{x,y}$, conforme detalhado na subseção 5.1.1). A Figura 5.10 mostra a marcação manual (meramente ilustrativa) da imagem mdb019 mostrando a relação aproximada de tamanho entre os autovalores de $\rho_{x,y}$, eq. (5.1) que, neste caso, rejeitam tanto o tecido muscular (canto superior direito) quanto a lesão (marcada pela circunferência no centro da imagem). Uma possível maneira de corrigir este problema, mas que não foi abordada neste trabalho, é incluir no algoritmo da subseção 5.1.1 o critério de posição da suposta lesão; ou seja, caso a mesma não se localize no canto superior direito ou esquerdo da mamografia, pode-se supor que não se trata de tecido muscular, logo, a despeito da relação entre os autovalores, a exclusão não será feita.

Tabela 5.5 Comparação entre os processamentos (em %) com e sem o algoritmo de exclusão de tecido muscular.

<i>mx</i>	Com exclusão do tecido muscular		Sem exclusão do tecido muscular	
	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>	<i>TPR</i>	<i>FPR</i>
1	25,00	6,70	25.00	7.33
2	25,50	7,65	25.00	8.02
3	41,67	13,94	43.48	15.00
4	58,82	15,21	61.11	17.31
5	75,00	23,91	75.86	27.24
6	77,78	30,18	75.00	37.28
7	76,92	37,27	78.57	39.43
10	77,17	38.79	77.78	41.62

**Figura 5.9** Funcionamento do classificador com e sem o algoritmo de exclusão do tecido muscular.

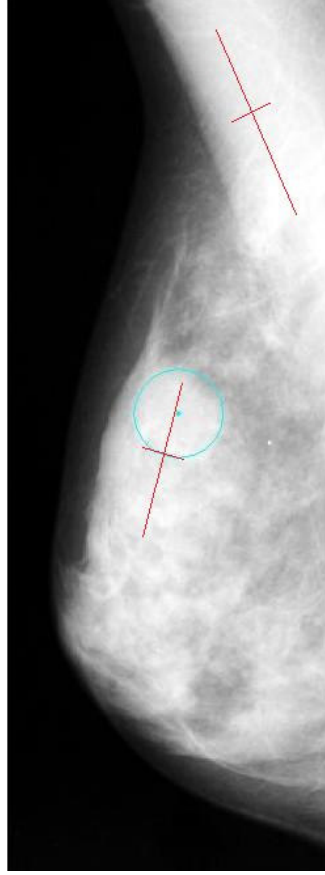


Figura 5.10 Marcação dos eixos dos autovetores de autovalores de $\rho_{x,y}$.

5.3.4 Discussão de Resultados

A Tabela 5.6 estabelece algumas comparações entre as principais metodologias abordadas ou desenvolvidas neste trabalho. É importante ressaltar que a metodologia proposta neste trabalho, e cujos resultados podem ser observados na segunda e terceira linhas da Tabela 5.6, se aproximam do resultado de Domínguez & Nandi (2008). Entretanto, no presente trabalho adotou-se um pós processamento mais simples, levando em conta apenas o gradiente e a posição dos elementos de cada lâmina, ao invés de utilizar um complexo sistema de ranqueamento envolvendo a análise de cerca de 18 diferentes características da imagem melhorada, como proposto por aqueles autores. Ainda comparando com o resultado de Domínguez & Nandi (2008), observa-se que, quando o presente trabalho utiliza o parâmetro $m_x = 6$, o *TPR* e o *FPR* se aproximam do resultado destes autores.

É possível observar também na Tabela 5.6 que os resultados de Javadi e Faez (2012) e Brahim Belhaouari, et. al., (2012) são melhores do que os obtidos tanto neste trabalho quanto no de Domínguez & Nandi (2008). A justificativa para tal diferença é que o presente trabalho

(assim como o de Domínguez & Nandi (2008)) indica a posição da massa na mamografia, ao passo que Javadi e Faez (2012) e Brahim Belhaouari, et. al., (2012) apenas diagnosticam a mamografia como normal (sem massas) ou anormal (com a presença de massas), e, dentre as anormais, classifica-as como malignas ou benignas. A diferença de abordagens tem como consequência que o presente trabalho, assim como o de Domínguez & Nandi (2008), suporta o padrão de classificação *BIRADS®*, ao passo que os trabalhos daqueles autores não o suportam. É importante ressaltar, entretanto, que o presente trabalho não classifica as massas como benignas ou malignas, ao passo que essa classificação é feita por aqueles autores.

Tabela 5.6 Comparação de resultados.

	<i>TPR (%)</i>	<i>FPR (%)</i>	<i>Identifica e localiza massas</i>	<i>Testa benigno x maligno</i>	<i>Suporta BIRADS®</i>	<i>Base de teste</i>
Wirtti e Salles (2011)	68,2	8,7	Sim	Não	Sim	Particular
Wirtti e Salles (2012), $m_x = 5$	75,00	23,91	Sim	Não	Sim	Mini-Mias
Wirtti e Salles (2012), $m_x = 6$	77,78	30,18	Sim	Não	Sim	Mini-Mias
Domínguez and Nandi, (2008)	80,00	32,00	Sim	Não	Sim	Mini-Mias
Javadi e Faez, (2012)	92,25	-	Não	Sim	Não	Mini-Mias
Brahim Belhaouari, et. al. (2011)	*94,79	-	Não	Sim	Não	Mini-Mias

* Medida de acurácia. A *TPR* não foi fornecida pelos autores.

Capítulo 6: Conclusão e Trabalhos Futuros

De acordo com o apresentado neste trabalho, é possível localizar massas em mamografias digitalizadas utilizando-se técnicas de extração de características em multiescala (por transformada wavelet) automatizado por RNA, função gradiente e alguma heurística adicional. A localização destas massas, entretanto, está condicionada à premissa de que estas sejam separáveis por intensidade de níveis de cinza. Em outras palavras, se uma massa possui a mesma intensidade do seu entorno, então ela não pode ser localizada por este método.

A mamografia digitalizada é uma imagem complexa, pois representa uma visão bidimensional de um órgão tridimensional. Há sobreposição de tecidos, criando estruturas complexas para análise humana ou computacional. Ao contrário do que foi proposto por Domínguez e Nandi (2008), o presente trabalho não realiza, a priori, qualquer melhoria de contraste da imagem diretamente, mas realiza uma melhoria indireta de cada fatia da imagem através do processamento pela RNA. A diferença é que neste trabalho, após o processo de melhoria de cada fatia, não é apresentada uma imagem melhorada, como em Domínguez e Nandi (2008).

A subdivisão da imagem original em fatias por faixa de intensidade possibilitou o processamento de achados de intensidade inferior à do seu entorno, além da possibilidade de aceitar ou descartar achados que se manifestam em mais de uma lâmina subsequente ou em apenas uma lâmina. A subdivisão da imagem em faixas de intensidade foi utilizada de forma pioneira por Mudigonda (2001).

A extração de características utiliza como base a transformada wavelet, pela sua capacidade de capturar características de intensidade da imagem em diferentes escalas. A symlet, especificamente, é ideal para o processamento de imagens, pois é quase simétrica e, por isso, evidencia melhor qualquer mudança de padrão de nível de cinza. A transformada wavelet é amplamente utilizada por vários autores: Brahim Belhaouari, et al., (2011); Hadhoud, et al., (2006); Javadi e Faez, (2012); Al-Qdaha, et al., (2005); dentre outros. Uma discussão importante diz respeito ao tamanho ideal da janela de processamento da wavelet. Pela discussão da subseção 3.2.2, e pelos testes realizados na subseção 5.3.1, conclui-se que, apesar de não ser o ideal, a janela de 32×32 pixels é a que apresenta os melhores resultados para o conjunto de imagens estudadas. Testes com um número maior de imagens, porém, devem ser realizados para garantir que esta dimensão de janela é a mais adequada.

A utilização de RNA, embora desencorajada por muitos, apresentou bons resultados. É importante ressaltar que neste trabalho a RNA foi utilizada apenas para automatizar o processo de extração de características. Um problema apresentado pela RNA é a sensibilidade aos dados de treinamento. Esse problema foi resolvido com a criação de um método de seleção das imagens do conjunto de treinamento por PCA, conforme apresentado na subseção 3.2.3 e revisitado na subseção 5.3.2. O método de seleção das imagens de treinamento utilizando PCA, juntamente com a ideia de separar as imagens em grupos por intensidade média mais desvio padrão, proporcionou escalabilidade ao classificador, pois, conforme novas imagens forem adicionadas, os grupos existentes podem ser rearranjados, ou novos grupos podem ser criados. Como consequência disso, acredita-se que o classificador pode melhorar conforme novas imagens forem adicionadas. A escalabilidade e a suposta capacidade de evoluir não são vistas em outras metodologias, tais como as de Brahim Belhaouari, et al., (2011) e Javadi e Faez, (2012), dentre outras.

A obtenção das FGA's através da análise do gradiente de todas as lâminas da mamografia proporciona um bom volume de elementos iniciais para se trabalhar. Ter uma quantidade grande de candidatos a massa é uma boa ideia, pois reduz a ocorrência de falsos negativos. Essa estratégia também é utilizada por Domínguez & Nandi (2008), mas no caso do presente trabalho adotou-se um pós processamento mais simples, levando em conta apenas o gradiente e a posição dos elementos de cada lâmina, ao passo que aqueles autores optaram por analisar cerca de 18 diferentes características da imagem melhorada.

A detecção e eliminação do tecido muscular peitoral é um feito importante para a correta classificação de achados na mamografia, pois o tecido peitoral (comum na mamografias MLO) tem, muitas vezes, densidade compatível com a de massas em potencial e, portanto, cria confusão no processo de classificação, que pode tomá-lo como uma massa quando, na verdade, trata-se de tecido muscular saudável. A diferença no resultado da classificação com e sem a detecção do músculo peitoral pode ser observada na subseção 5.3.3.

O presente trabalho, assim como o trabalho de Domínguez & Nandi (2008), *TPR* de 80% e 0,32 FP's por imagem, apresenta a vantagem de servir como base para uma aplicação *BIRADS®*, ao contrário das propostas de Brahim Belhaouari, et al., (2011) e Javadi & Faez, (2012), que atingem excelentes resultados, respectivamente acurácia de 100% e *TPR* de 92,25% usando a base mini-MIAS, ao classificar uma mamografia como benigna ou maligna. A questão subjacente é que, em medicina, não basta diagnosticar corretamente; é preciso também justificar o diagnóstico. No caso específico da mamografia, o bom diagnóstico passa pela informação de qual achado implica no diagnóstico proferido (Thurfjell, et al., 1998).

Vale ressaltar que o presente trabalho, *TPR* de 75% e *FPR* 23,91%, apresenta resultados próximos dos obtidos por Domínguez e Nandi (2008), com *TPR* de 80 % e *FPR* de 32%. A Tabela 5.5 mostra que para um máximo de picos (m_x) de 6, obtém-se um *TPR* de 77,78 %, mas com *FPR* de 30,18%, ainda assim abaixo do *FPR* obtido por Domínguez e Nandi, (2008).

Como trabalhos futuros, sugere-se a ampliação da base de testes, assim como da base de treinamento; a implementação do método apresentado neste trabalho em alguma plataforma computacional de bom desempenho; a implementação da localização de massas partindo da extração de características proposta por Javadi e Faez, (2012) e a substituição da heurística apresentada no capítulo 5 por algum método de cunho estatístico.

Referências Bibliográficas

- Abreu, E. & Koifman, S., 2002. Fatores Prognósticos no Câncer da Mama Feminina. *Revista Brasileira de Cancerologia*, 48(1), pp. 113-131.
- Al-Qdaha, M., Ramlib, A. & Mahmud, R., 2005. A system of micro-calcifications detection and evaluation of the radiologist: comparative study of the three main races in Malaysia. *Computers in Biology and Medicine*, 35(1), pp. pp 905-914.
- Bishop, C. M., 2006. *Pattern Recognition and Machine Learning*. 2nd ed ed. Cambridge: Springer Science, pp. 561-580.
- Brahim Belhaouari, S., Ibrahima, F. & Mohamed, M., 2011. *A Statistical Based Feature Extraction Method for Breast Cancer Diagnosis in Digital Mammogram Using Multiresolution Representation*. [Online]
Available at: <http://eprints.utp.edu.my/2720/>
[Accessed 11 04 2012].
- Burhenne, L. J. W. et al., 2000. Potential Contribution of Computer Aided Detection to the Sensitivity of Screening Mammography. *Radiology* 2000, 215(1), pp. 554-562.
- Domínguez, A. R. & Nandi, A. K., 2008. Detection of masses in mammograms via statistically based enhancement, multilevel-thresholding segmentation, and region selection. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Volume 38, pp. 304-315.
- Fawcett, T., 2005. An Introduction to ROC Analysis. *Pattern Recognition Letters*, 19 12, pp. 861-874.
- Feig, S., 2010. Cost-Effectiveness of Mammography, MRI, and Ultrasonography for Breast Cancer Screening. *Radiologic clinics of North America*, Volume 48, pp. 879-891.
- Feig, S., 2011. Comparison of Costs and Benefits of Breast Cancer Screening with Mammography, Ultrasonography, and MRI. *Obstetrics and Gynecology Clinics of North America*, 38(1), p. 179-196.
- Foley, J. D., van Dam, A. & Feiner, S. K., 1996. *Computer Graphics: Principle and Practice*. 2nd ed. s.l.:Addison Wesley, pp 74-81.
- Gómez, S. S. et al., 2011. Impact of a CAD system in a screenfilm mammography screening program: A prospective study. *European Journal of Radiology*, pp. 317-321.
- Hadhoud, M., Amin, M. & Dabbour, W., 2006. Detection of Breast Cancer Tumor Algorithm using Mathematical Morphology and Wavelet Analysis. *ICGST International Journal*

- on Graphics, Vision and Image Processing(GVIP).*, pp. 75-80.
- Haykin, S., 1998. *Neural Networks: a comprehensive foundation*. 2 edition ed. New Jersey: Prentice-Hall. pp 156-182.
- Instituto Nacional do Câncer, 2012. *INCA-Instituto Nacional do Câncer*. [Online]
Available at: <http://www2.inca.gov.br/wps/wcm/connect/cancer/site/oquee>
[Accessed 4 maio 2012].
- Javadi, S. & Faez, K., 2012. Finding Suspicious Masses of Breast Cancer in Mammography Images using Particle Swarm Algorithm and its Classification using Fuzzy Methods. *IEEEExplore Digital Library*, 10 01, pp. 1-5.
- Leon-Garcia, A., 2007. *Probability, Statistics, and Random Processes for Electrical Engineering*. 3th edition ed. Upper Saddle River: Pearson/Prentice Hall, pp 278-281, 462-468.
- Maierhofer, L., 2008. *Guia Prático em Diagnóstico por Imagem da Mama*. 1ª edição ed. São Caetano do Sul: Difusão Editora, pp. 24-38, 86-93.
- Mallat, S., 2009. *A Wavelet Tour of Signal Processing: The Sparse Way*. 3ª Edição ed. Burlington-US: Academic Press, pp 102-115.
- Mallat, S. G., 1989. A theory for multiresolution signal decomposition: the wavelet representation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* , 7(11), pp. 674-693.
- Mudigonda, N. R., 2001. *Image Analysis Methods for the Detection and Classification of Mammographic Masses*. Alberta: University of Calgary.
- Rangayyan, R. M., 2005. *Biomedical image analysis*. 1ª ed. Boca Raton: CRC Press LLC, pp 22-28, 417-436.
- Rangayyan, R. M., Ferrari, R. J., Desautels, J. E. L. & Frère, A. F., 2000. Segmentation of mammograms: Identification of the skin-air boundary, pectoral muscle and fibroglandular disc.. *Proceedings of the 5th International Workshop on Digital Mammography*, june, pp. 573-579.
- Riedl, C. C., Pfarl, G. & Helbich, T., n.d. *BI-RADS - Breast Imaging Reporting and Data System*. [Online]
Available at: <http://www.birads.at/index.html>
[Accessed 31 03 2012].
- Suckling, J. et al., 1994. *The mini-MIAS database of mammograms*. [Online]
Available at: <http://peipa.essex.ac.uk/info/mias.html>
[Accessed 05 04 2012].

Thurfjell, E., Thurfjell, M. G., Egge, E. & Bjurstam, N., 1998. Sensitivity and specificity of computer-assisted breast cancer detection in mammography screening. *Acta Radiologia*, 39(4), pp. 384-388.

Wirtti, T T ; Salles, E. O. T. . Segmentation of Masses in Digital Mamograms. In: Internatonal Conference on Intelligence Sensors, Sensors Network and Information Processing, 2011, Vitória. ISSNIP Biosignals and Biorobotics Conference 2011. Vitória, 2011. v. 1. p. 1-7..

Wirtti, T T ; Salles, E. O. T. . Segmentação de massas em mamografias digitalizadas In: Congresso Brasileiro de Automática, 2012, Campina Grande. XIX edição do Congresso Brasileiro de Automática - CBA 2012, 2012. v. 1. p. 1-8.

Apêndice A: Trabalhos Publicados

Wirtti, T T ; Salles, E. O. T. . Segmentation of Masses in Digital Mamograms. In: International Conference on Intelligence Sensors, Sensors Network and Information Processing, 2011, Vitória. ISSNIP Biosignals and Biorobotics Conference 2011. Vitória, 2011. v. 1. p. 1-7.

Wirtti, T T ; Salles, E. O. T. . Segmentação de massas em mamografias digitalizadas In: Congresso Brasileiro de Automática, 2012, Campina Grande. XIX edição do Congresso Brasileiro de Automática - CBA 2012, 2012. v. 1. p. 1-8.